

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representation of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
 - TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
 - FADED TEXT
 - ILLEGIBLE TEXT
 - SKEWED/SLANTED IMAGES
 - COLORED PHOTOS
 - BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
-
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY

As rescanning documents *will not* correct images, please do not report the images to the Image Problem Mailbox.

COPY

(19)



Europäisches Patentamt

European Patent Office

Office européen des brevets

(11) Veröffentlichungsnummer: **0 507 170 A2**

(12)

EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG(21) Anmeldenummer: **92104970.6**(51) Int. Cl.⁵: **C12N 15/12, C07K 15/00,
C12Q 1/00**(22) Anmeldetag: **23.03.92**(30) Priorität: **04.04.91 DE 4110785**(43) Veröffentlichungstag der Anmeldung:
07.10.92 Patentblatt 92/41(84) Benannte Vertragsstaaten:
AT BE CH DE DK ES FR GB GR IT LI LU NL SE(71) Anmelder: **BAYER AG****W-5090 Leverkusen 1 Bayerwerk(DE)**

(72) Erfinder: **Franz, Jürgen, Dr.**
Scheidemannstrasse 21
W-5657 Haan(DE)
 Erfinder: **Weingärtner, Bernhard, Dr.**
Birkenweg 4
W-5603 Wülfrath(DE)
 Erfinder: **Unterbeck, Axel, Dr.**
Rommerscheider Höhe 3
W-5060 Bergisch Gladbach 2(DE)
 Erfinder: **Rae, Peter, Prof.**
c/o Miles Inc., 400 Morgan Lane
West Haven CT 06516(US)

(54) **Gewebe-spezifische humane neuronale Calcium-Kanal-Subtypen und deren Verwendung.**

(57) Die Anmeldung betrifft Gewebe-spezifische humane neuronale Calcium-Kanal-Subtypen und deren Verwendung für funktionale Calcium-Flux Assays mit deren Hilfe spezifische Liganden auf ihre agonistische bzw. antagonistische Wirkung überprüft werden können.

EP 0 507 170 A2

Calcium-Ionen haben in jedem biologischen System vielfältige Funktionen. Die zelluläre Calciumhomöostase spielt speziell für die Physiologie von Nervenzellen eine wesentliche Rolle. Die intrazelluläre Calcium-Konzentration beträgt etwa $0,1 \mu\text{M}$ gegenüber 1 mM außerhalb der Nervenzelle. Die Regulation dieses starken Konzentrationsgefälles ($\times 10.000$) erfolgt primär durch spannungsabhängige Calcium-Kanäle (VOCC), die von bestimmten Calcium-Antagonisten blockiert werden können. Während einer cerebralen Ischämie (Hirnschlag) wird die Calciumhomöostase in Neuronen des betroffenen Infarktgebietes erheblich verändert. Die spannungsabhängigen Calcium-Kanäle werden durch anhaltende Membrandepolarisationen im geöffneten Zustand gehalten, welches einen massiven Einstrom von Calcium-Ionen zur Folge hat. Die intrazelluläre Calcium-Konzentration steigt dabei um das 1000fache an. Der hohe Überschuss an Calcium aktiviert durch die Bindung an Calmodulin verschiedene Calcium/Calmodulin abhängige zelluläre Enzymsysteme, wie z.B. Kinasen, Proteasen und Phospholipasen, die zusammen, bei anhaltender Aktivierung, zu irreversiblen Nervenzellschädigungen führen.

Ein therapeutischer Ansatz zur Neuroprotektion bei cerebraler Ischämie ist die reversible Blockierung des massiven Calcium-Einstroms in die Nervenzelle. Die spannungsabhängigen neuronalen Calcium-Kanäle sind hierbei ein geeigneter pharmakologischer Angriffspunkt. VOCCs existieren in verschiedenen Muskelzellen (Gefäß-, Herz- und Skelettmuskel), Neuronen und sekretorischen Zellen mit gewebespezifischen physiologischen Eigenschaften.

Elektrophysiologische Untersuchungen (Tsien et al., 1988, Trends in Neurol. Sci. 11: 431-438) deuten auf mindestens drei verschiedene Typen von VOCCs hin (L-, N- und T-Kanäle). Die 1,4-Dihydropyridine (DHPs) sind potente Blocker der L-Typ Calcium-Kanäle, die sowohl in Muskelzellen als auch in Nervenzellen zu finden sind. Der Kaninchen-Skelettmuskel Dihydropyridin Rezeptor ist biochemisch charakterisiert und kloniert worden (Tanabe et al., 1987, Nature 328:313-318). Die Primärsequenz dieser $\alpha 1$ UE des VOCC konnte von den cDNA Daten abgeleitet werden und ist konsistent mit einem 212 kD Transmembranprotein mit fünf N-Glycosylierungsstellen und sieben möglichen Phosphorylierungsstellen. Das Protein enthält vier untereinander ähnliche Transmembrandomänen mit jeweils sechs - vermutlich α -helikalen - membrangängigen Segmenten (S1-S6). Jeweils das vierte Transmembransegment (S4) jeder Domäne enthält ein geordnetes Muster an positiven Ladungen (Lys, Arg), welche den Spannungssensor des Calcium-Kanals bilden können. Die Struktur dieser klonierten $\alpha 1$ UE ist konsistent mit einer Ionen leitenden, spannungsgesteuerten Einheit des DHP-sensitiven Calcium-Kanals.

Der klonierte Skelettmuskel DHP-R cDNA Klon des Karpfens (Grabner et al., 1991, Proc. Natl. Acad. Sci. (USA), 88:727-731) wurde als Hybridisierungsprobe eingesetzt, um verwandte Gene des humanen Calcium-Kanals aus Neuronen zu isolieren und zu charakterisieren. Mit dieser Klonierungsstrategie konnte eine Anzahl von verschiedenen homologen cDNA Klonen aus neuronalen cDNA Banken des Menschen isoliert und charakterisiert werden, die deutlich anzeigen, daß verschiedene Calcium-Kanal Subtypen im ZNS des Menschen existieren. Neuronale Subtypen besitzen neue Rezeptorstellen, für die bislang keine Liganden (Agonisten, Antagonisten) bekannt sind. Die klonierten Calcium-Kanal Subtypen sollen in transformierten Tierzellen (z.B. cos Zellen, Maus L Zellen, CHO Zellen etc.) exprimiert werden (Gluzman, 1981, Cell 23:175, und Chen, et al., 1987, Mol. Cell. Biol. 7:2745-2752) und in Bindungstests und/oder funktionellen Testsystemen zur Auffindung (Screening) neuer, Subtyp-spezifischer Liganden eingesetzt werden. Hierbei werden komplette oder partielle cDNA Gene von verschiedenen Calcium-Kanal Subtypen (inkl. Herz-, Blutgefäß- und Skelettmuskel-Kanäle) in geeignete eukaryontische Expressionsvektoren (Sambrook et al., 1989, in: Molecular Cloning, A laboratory manual, ed. Chris Nolan, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, N.Y.) kloniert. Die Proteinexpression wird dabei entweder durch homologe Regulatorelemente (Promotoren und Enhancer) oder heterologe Promotoren (virale, z.B. SV40, BPV, CMV, etc. oder induzierbare, z.B. Metallothionein, cAMP, Calcium, Temperatur, etc.) in Kombination mit bekannten Enhancern und RNA Prozessierungssignalen (z.B. Capping, Poly A) gesteuert.

Weiterhin sollen mit diesen rekombinanten Zellsystemen funktionale Calcium-Flux Assays entwickelt werden, mit deren Hilfe spezifische Liganden auf ihre agonistische bzw. antagonistische Wirkung überprüft werden können. Der Unterschied und Hauptvorteil dieser rekombinanten Assays, im Vergleich zu herkömmlichen Assays (Hirnmembranpräparationen, Zelllinien), liegt in der Reinheit des Rezeptor/Kanal Präparates, da ausschließlich der rekombinant exprimierte neuronale Calcium-Kanal Subtyp in beliebiger Anzahl auf einer Tierzell-Oberfläche präsent ist. Dies ist eine essentielle Voraussetzung für die Selektion spezifischer neuronaler Calcium-Kanal Liganden, die möglichst keine Wirkung auf Calcium-Kanäle nicht-neuronaler Gewebetypen zeigen sollen.

Nachfolgend sind einige Beispiele für die Anwendung der oben beschriebenen rekombinanten Screeningassays aufgeführt.

1. Rezeptor-Bindungs-Test

Die mit humanen Calcium-Kanal Subtypen transformierten Tierzellen (Beispiel: siehe oben) können kultiviert und zur Präparation von Membranen eingesetzt werden. Diese Membranpräparationen können für Bindungsstudien mit verschiedenen radioaktiv markierten Substanzklassen (Beisp. 1-5) zum Screening neuer Liganden (Kompetitionstest) eingesetzt werden. Beispiele für bekannte Calcium-Kanal bindende Substanzen sind:

1. Phenylalkylamine,
2. Benzothiazepine,
3. Dihydropyridine,
4. Bisphenylbutylpiperidine,
5. Omega Conotoxine.

2. 45 Calcium-Flux-Test

Die Zellmembranen von humanen Calcium-Kanal Subtypen transformierten Kulturzellen (s.o.) können mit Kalium-Ionen oder mit Alkaloiden wie z.B. Veratridine depolarisiert werden. Membrandepolarisation führt zur Öffnung von Calcium-Kanälen, was einen Einstrom (Flux) von Calcium-Ionen in die Zellen zur Folge hat. Dieser spannungsabhängige Calcium-Einstrom kann mit radioaktiv markiertem Calcium (^{45}Ca) gemessen werden (Beisp.: Messing et al., 1985, J. Pharmacology and Exp. Therapeutics 235:407-411) und zum funktionellen Testen/Screening von Calcium-Kanal Antagonisten oder Agonisten eingesetzt werden.

3. Fura-2 Test

Humane Calcium-Kanal exprimierende Tierzellen (s.o.) können in Gegenwart von Calcium sensitiven, fluoreszierenden Farbstoffen (z.B. Fura-2 oder Fluoro-3) für Messungen der intrazellulären Calcium-Konzentration nach Öffnung und Blockierung der Calcium-Kanäle eingesetzt werden (Beisp.: Rosario et al. 1989, Neurosci. 29,735-747). Die Änderung der intrazellulären Calcium-Konzentration kann dabei fluorimetrisch (spektrophotometrisch) gemessen werden. Dieses rekombinante Zellsystem kann als funktioneller Test für das Auffinden Subtyp-spezifischer Calcium-Kanal Liganden (Agonisten und Antagonisten) eingesetzt werden.

4. Elektrophysiologie

Die durch Membrandepolarisation erzeugten Calcium-Ströme können elektrophysiologisch gemessen werden (Beisp.: Carbone et al. 1990, Pflügers Arch., 416: 170-179). Die Wirkung von potentiellen Calcium-Kanal Antagonisten oder Agonisten kann direkt an humanen Calcium-Kanälen mit Hilfe der rekombinanten Tierzelllinien (s.o.) physikalisch gemessen und pharmakologisch charakterisiert werden.

5. Indirekte Meßmethoden

Viele zelluläre Prozesse werden von der intrazellulären Calcium-Ionen Konzentration reguliert (z.B. Rezeptor medierte Signalübertragung, verschiedene Enzymreaktionen, wie z.B. Phosphorylierungen, De-phosphorylierungen, Neurotransmitter-Freisetzung, Ca-abhängige Genregulation, etc.). Einige dieser biochemischen Reaktionen sind mit einem spezifischen Assay meßbar. In einem rekombinanten Calcium-Kanal exprimierenden Zellsystem kann somit indirekt (physiologisch) die Wirkung von Calcium-Kanal Modulatoren auf Calcium abhängige Zellvorgänge erfaßt werden (Beisp.: Zernig et al. 1986, Eur.J.Pharmacol. 128,221-229).

Zusätzlich können durch gezielte Mutagenesen eingeführte Veränderungen, wie z.B. Punktmutationen, Insertionen, Deletionen, Austausch von DNA-Segmenten verschiedener Calciumkanal-Subtypen, direkte Auswirkungen auf physiologische Vorgänge erfaßt werden (Bsp.: Yool and Schwarz, 1991, Nature 349:700-704).

1. cDNA Methoden/Banken

Zur Isolierung humaner neuronaler Ca-Kanäle mittels Homologiescreening wurden folgende käuflich erworbenen cDNA-Banken eingesetzt:

- a) cDNA Bank aus einer humanen Neuroblastomazelllinie

Vektor: Lambda gt10

Quelle: Fa. Clontech Laboratories, Inc. Palo Alto, CA, USA: (Kat.Nr. HL 1007a)

- b) cDNA Bank aus humanem Hippocampus;

Vektor: Lambda ZAPII

Quelle: Fa. Stratagene Inc., La Jolla, CA, USA (Kat. Nr. 936205)

c) cDNA Bank aus humanem temporalem Cortex

Vektor: Lambda ZAPII

Quelle: Fa. Stratagene Inc., La Jolla, CA, USA (Kat. Nr. 935205)

d) cDNA Bank aus humanem visuellem Cortex

Vektor: Lambda gt10

Quelle: Fa. Clontech Laboratories, Palo Alto, CA, USA (Kat. Nr. HL 1081a)

e) cDNA Bank aus humanem frontalem Cortex

Vektor: Lambda ZAPII

Quelle: Fa. Stratagene Inc., La Jolla, CA, USA (Kat. Nr. 935205)

2. Screenen der cDNA Banken

2.1 Ausplattieren der cDNA Banken und Prozessieren der Nitrozellulosefilter

Das Ausplattieren der cDNA Banken und das Prozessieren der Nitrozellulosefilter erfolgte gemäß den Angaben der Hersteller oder nach Sambrook et al., 1989, (Molecular Cloning, A laboratory manual, ed. Chris Nolan, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, N.Y.).

2.2 Hybridisierungsproben

Als Hybridisierungsprobe diente ein 6.1 kb langer cDNA Klon (Abb. 1), der die gesamte kodierende Region, einschließlich 5'- und 3'- nicht translaterter Bereiche der α_1 -Untereinheit (UE) des Ca-Kanals der Skelettmuskulatur des Karpfens (*Cyprinus carpio*) enthält (Grabner et al., 1990, Proc. Natl. Acad. Sci. (USA), 88: 727-731). Für das Homologiescreening wurden folgende Abschnitte dieses Klonen eingesetzt (Abb.1):

- der komplette cDNA Klon (6.1 kb)
- Subfragment 1 336
- Subfragment 1 509
- Subfragment 1 247.

Zum weiteren Screenen von cDNA Banken wurden folgende Fragmente humaner Ca-Kanal cDNA Klone eingesetzt:

- Insert des Klonen p 1247-9.1.1.2 (811 bp)
- Subfragment des Klonen p 1247-14.1.1.1 (EcoRI-KpnI; 205 bp)
- Subfragment des Klonen p 1247-5.1.2.1.1 (EcoRI-SacI; 710bp)
- Insert des Klonen pCA 33 (684 bp)
- Subfragmente des Klonen pCA 3 (EcoRI-EcoRI, 640pb; PstI-PstI, 198 bp; PstI-PstI, 600bp)

2.3 Markieren von DNA Fragmenten mit radioaktiven DNA Vorläufern

Zur Markierung von doppelsträngigen DNA Fragmenten wurden Standardprotokolle (Sambrook et al., 1989 in: Molecular Cloning, A laboratory manual, ed. Chris Nolan, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, N.Y.) in Verbindung mit einem käuflichen "Random Primed Labeling Kit" (Boehringer Mannheim GmbH, Postfach 310120, D-6800 Mannheim; Ka. Nr. 1004 760) angewendet.

2.4 Hybridisier- und Waschbedingungen

Die Nitrozellulosefilter wurden über Nacht mit radioaktiv markierten cDNA Fragmenten in 30 % Formamid, 5 x Denhardt's Lösung, 5 x SSC bei 42 °C hybridisiert und anschließend wie folgt gewaschen:

- 2 x 20 Minuten in 2 x SSC, 0,05 % SDS bei Raumtemperatur
- 2 x 20 Minuten in 0,2 x SSC, 0,2 % SDS bei 45 °C und
- 1 x 20 Minuten in 0,2 x SSC bei Raumtemperatur.

Danach wurde ein Kodak X-OMAT AR Röntgenfilm für unterschiedliche Zeiten bei -80 °C mit Verstärkerfolien durch die Filter belichtet.

3. Isolieren der Lambda Phagen, Subklonieren und Sequenzieren der cDNA Inserts

3.1 cDNA Inserts aus Lambda gt 10

Die Lambda Phagen DNA wurde isoliert, mit EcoRI geschnitten, die cDNA Inserts in ein pUC-Derivat (pT7T3 18U; Fa. Pharmacia) subkloniert und anschließend mit Sequenase (Fa. USB, Cleveland, Ohio, USA) mittels der Dideoxy-Terminationsmethode nach Sanger (Sanger et al., 1977, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 74: 5463-5467.) die Nukleotidsequenz bestimmt.

5

3.2 cDNA Inserts aus Lambda ZAPII

3.2.1 Ausschneiden der kompletten cDNA Inserts aus Lambda-Phagen und Überführender Inserts in Plasmide

10

Die cDNA Inserts aus positiven Lambda-ZAPII Phagen wurden nach einem Protokoll des Herstellers (Stratagene) mittels eines fl-abgeleiteten Helferphagens vorgenommen und in die Plasmidform überführt.

3.2.2 Bestimmung der Größe und Sequenzanalyse der isolierten cDNA Inserts

15

Aus XL1-Blue Zellen, die ein rekombinates pBluescript Plasmid trugen, wurde Plasmid DNA präpariert (Sambrook, J., et al., (1989) in: Molecular cloning, A laboratory manual, ed. Chris Nolan, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, N.Y.) und jeweils 0,5 µg dieser DNA mit dem Restriktionsenzym EcoRI behandelt. Aus Anzahl und Größe der entstandenen DNA Fragmente konnte die Gesamtlänge der insertierten cDNA abgeleitet werden. Die Nukleotidsequenz der vorhandenen cDNA wurde mit SEQUENASE (USB, Cleveland, Ohio, USA) nach der Methode von Sanger an doppelsträngiger DNA ermittelt.

20

Beschreibung der bisher isolierten cDNA Klone für humane neuronale Ca-Kanäle

25

Folgende cDNA Klone wurden bisher isoliert und konnten durch DNA- und Aminosäuresequenzvergleiche mit anderen bekannten Ca-Kanalsequenzen als Ca-Kanäle identifiziert werden (als Referenz dient die Nukleotidsequenz des Ca-Kanals der Skelettmuskulatur des Kaninchens (Tanabe et al., Nature 328, 313-318), die Numerierung der Nukleotide bzw. Aminosäuren ist analog zur Numerierung der EMBL-Datenbank):

30

Kombination überlappender und in ihrer Nukleotidsequenz identischer Calciumkanal cDNA Subklone.

35

In ihren überlappenden Sequenzen übereinstimmende cDNA-Subklone werden über geeignete Restriktionsschnittstellen zu einem kompletten oder partiellen cDNA-Klon zusammengesetzt, der für einen bestimmten Calciumkanal-Subtyp kodiert. Dieses cDNA-Gen wird mittels eines eukaryontischen Expressionsvektor in Sängerezellen exprimiert und in den unter den Beispielen Punkt 1 bis 5 beschriebenen Test eingesetzt.

1. pCA33:

40

Länge: 683 Nukleotide, Position AS 1.000-1.230 (3' zusätzliche 3 AS); umfaßt Sequenzen der dritten Domäne ab IIIs6 bis vierte Domäne IVs3.

2. p1247-5.1.2.1.1:

45

Länge von ca 4.919 bp; Position ab AS 343 bis zum Ende der kodierenden Region; enthält damit nach Domäne I das komplette Gen.

3. p1247-9.1.1.2:

50

Länge 811 bp; Position AS 1.115-1.390 und umfaßt damit die gesamte Domäne IV (s1 bis s6) und flankierende Sequenzen auf beiden Seiten.

4. p1247-10.1.1.1:

55

Länge 1.354 bp; Position AS 1.050-1.512 und umfaßt damit das Ende der dritten Domäne (III s6) und die gesamte Domäne IV und etwa 130 c-terminal flankierende AS, die dem letzten zytoplasmatischen Teil des Proteins zuzuordnen sind.

5. p1247-14.1.1.1:

Länge: 5.438 bp; Position AS 967-1.327. Dieser Klon überlappt über einen großen Bereich (Position 1-3.238) mit Klon pR14-5.3.3.1. (Position 2.988-4.232). Im überlappenden Teil sind beide Klone nahezu
 5 identisch. Es bestehen folgende Unterschiede zu pR14-5.3.3.1 (Nukleotid und Position bei pR14-5.3.3.1 sind jeweils in Klammern angegeben):

- (1) Cytosin an Position 520 (T; 3.507); keine Änderung der abgeleiteten Proteinsequenz.
- (2) Cytosin an Position 775 (G; 3.768); keine Änderung der abgeleiteten Proteinsequenz.
- (3) Cytosin an Position 1.617 (T; 4.611).
- 10 (4) Adenosin an Position 2.360 (G; 5.353).
- (5) Deletion von sechs Nukleotiden an Position 708 (CGGAAA;3.695-3.700).
- (6) Deletion eines Adenosinrestes an Position 1.013; dies führt im Vergleich zu pR14-5.3.3.1 zu einer Verschiebung im Leseraster, so daß an Position 1.028-1.030 ein Stop-Codon das abgeleitete Protein terminiert.
- 15 (7) Ab Position 3.240 sind weitere 2.199 Nukleotide der 3'-nichttranslatierten Region vorhanden, die bei pR14-5.3.3.1 fehlen. Es folgt dann ein Teil eines Polyadenylat-Schwanzes.

Aufgrund der hohen Ähnlichkeit der Klone p1247-14.1.1.1 und pR14-5.3.3.1 ist davon auszugehen, daß es sich bei der Deletion von einem Nukleotid an Position 1.013 um einen Artefakt während der cDNA Synthese handelt.

20 6. pR9112-4.1.1.1:

Länge ca. 1.722 bp; Position AS 1.223-1.870; dieser Klon enthält somit ab s4 den c-terminalen Teil der vierten Domäne, einschließlich der kompletten kodierenden Sequenz bis zum tatsächlichen C-Terminus des
 25 Proteins. Dieser Klon ist fast identisch mit überlappenden Sequenzen des Klons 1247-9.1.1.2. Die Sequenzen von pR9112-4.1.1.1 und pR9112-2.1.1.1 sind im wesentlichen identisch (1 bp Unterschied von bisher 1.464 sequenzierten Nukleotiden des Überlapps); die Klone sind wahrscheinlich überlappende cDNA Klone der selben mRNA.

30 7. pR9112-10.1.1.1:

Länge 2.049 bp; Position von AS 991-1.650. Dieser Klon enthält cDNA Sequenzen, die für einen Teil der Domäne III (s6), die gesamte vierte Domäne und einen Teil des c-terminalen zytoplasmatischen Teils des Proteins kodieren. Der Klon pR9112-10.1.1.1 unterscheidet sich von pR9112-2.1.1.1 und pR9112-4.1.1.1
 35 durch einen 57 bp Insert (1.4541-1.510). Dieses Insert besitzt an beiden Enden Splicing-Konsensussequenzen und bietet damit die Möglichkeit für alternatives Splicing.

8. pR9112-12.1.1.1:

40 Länge 997 bp; Position bis AS 1.509. Die Sequenz dieses cDNA-Klons ist fast identisch mit Klon p1247-14.1.1.1. Das 5' Ende des Klons enthält dazu als Kloningsartefakt etwa 250 bp mitochondrialer DNA, sowie ein poly(A)-Anteil von 39 bp.

9. pR9112-2.1.1.1:

45 Länge 1.471 bp; wie cDNA Klon pR9112-4.1.1.1, enthält dieser Klon ab IVs3-4 die komplette kodierende Region bis zum tatsächlichen C-Terminus des Proteins, sowie etwa 500 bp der 3' nicht translatierten Region der mRNA.

50 10. pRR5-8:

Länge 2.655 bp; am 5'-Ende enthält dieser Klon 235 bp nichttranslatierte Sequenz gefolgt von einem ATG Startcodon (Pos. 236-238). Von diesem Startcodon erstreckt sich ein offenes Leseraster bis zum 3'-Ende des Klons. Das daraus abgeleitete Protein beginnt mit dem tatsächlichen N-Terminus eines Ca-Kanal
 55 cDNA-Gens und enthält die Domänen I und II, sowie einen Teil des intrazellulären Loops zwischen Domäne II und III. Ab Position 1.318 bis zum 3'-Ende überlappt der Klon mit dem Klon p1247-5.1.2.1.1. Beide Klone können z.B. an einer gemeinsamen XhoI-Schnittstelle (Pos. 1.506-1.511 bei pRR5-8) miteinander kombiniert werden zu einer cDNA, die neben dem zytoplasmatischen N-Terminus für die Domänen I-IV und angren-

zende zytoplasmatische c-terminale Bereiche des Ca-Kanals kodiert.

11. pR14-5.3.3.1:

5 Länge: 6.232 bp; Position AS 358 bis zum C-Terminus eines Ca-Kanals. Am 5'-Ende enthält dieser Klon 252 bp, die 85 % Homologie zu humanen Alu-repeat Sequenzen aufweisen und möglicherweise artifiziell während der cDNA Klonierung an die restlichen 5.980 bp der Ca-Kanal cDNA ligiert wurden. Das offene Leseraster des für einen Ca-Kanal kodierenden cDNA Stranges kodiert für 1.931 AS und umspannt die Domänen II bis IV, sowie den C-terminalen cytoplasmatischen Anteil des Ca-Kanals. Es folgen 187 bp 3'-
10 nichttranslatierte Region, einschließlich eines Polyadenylierungssignal an Position 6.215-6.220, und läuft in ein poly A-Ende aus (44 Adenosinreste).

12. pCA3

15 Länge 2.837 bp; besitzt eine interne EcoRI-Schnittstelle (2 Subfragmente: 2.197 bp, 640 bp). Das 5'-Ende des cDNA Klons liegt zwischen Domäne II und III, das 3'-Ende bei AS 1.622; der Klon umfaßt die vollständigen Domänen III und IV und einen Teil der für den C-Terminus kodierenden Sequenz. Das 5'-Ende des cDNA-Klons überlappt mit dem 3'-Ende des Klons pCA9.3 auf einer Länge von 830 bp. Beide cDNA-Klone sind über 671 bp identisch, lediglich die ersten 159 bp des 5'-Endes von Klon pCA3 zeigen zu
20 dem entsprechenden Abschnitt des Klons pCA9.3 keinerlei Homologien (Abb. 2, schraffierter Bereich). Kon pCA 3 und Klon pCA9.3 über eine gemeinsame PmlI Restriktionsschnittstelle im überlappenden Bereich kombiniert werden.

13. pCA9.3

25 Länge 1.857 bp; das 5'-Ende des cDNA Klons beginnt unmittelbar nach Domäne I (AS 337); das 3'-Ende liegt bei AS 922; der cDNA-Klon umfaßt Sequenzen des zweiten zytoplasmatischen Abschnittes (zwischen Domäne I und II) bis einschließlich der 4. Transmembranregion der Domäne III(III S4).

30 14. p1247-4.2.1.1:

Länge 920 bp; Position AS 1.178-1.496 der Kaninchenskelettmuskel α_1 -Untereinheit (Domäne IVs3-IVs6). Die Sequenz des Klons p1247-4.2.1.1 ist vollständig in der Sequenz des Klons p1247-10.1.1.1 enthalten. Beide Klone sind bis auf eine 6 Basenpaare umfassende Insertion in Klon 1247-4 (Position 88-93)
35 und 2 weitere Basenaustausche identisch.

15. pR5-6cort

40 Länge: 1.424 bp; Position AS 25-458. Am 5'-Ende enthält dieser Klon an Position 60 eine putative Splice-Donor-Stelle, so daß die ersten 60 Nukleotide möglicherweise Intronsequenzen darstellen. Der für einen Ca-Kanal kodierende Bereich (ab Position 61) umfaßt einen Teil der N-terminalen cytoplasmatischen Region, sowie die gesamte Domäne I und die erste membrandurchbrechende Region (S1) der Domäne II.

16. pR5-4cort

45 Länge: 910 bp; Position AS 409-713. Dieser Klon überlappt am 5'-Ende 151 bp mit dem 3'-Ende des Klons pR5-6cort (100 % Identität über 151 bp). Diese beiden Klone stellen daher unabhängig klonierte cDNA Abschnitte ein und derselben mRNA dar und können z.B. über die gemeinsame Stu I Restriktionsabschnittstelle miteinander kombiniert werden.

50

17. pRR14-35(5'-Ende des Klons)

Länge: ca 3.400bp, hiervon sind bisher 1.100 bp sequenziert; Position: das 5'-Ende des Klons liegt bei AS 257 und somit zwischen den Membrandurchgängen S5 und S6 der Domäne I. Im bisher sequenzierten
55 Bereich überlappt der Klon Sequenzidentisch mit pR14-5.3.3.1 (Position 253-964). Somit können die beiden Klone pRR14-35 und pR14-5.3.3.1 als 2 unabhängig klonierte cDNA Abschnitte einer mRNA angesehen werden. Klon pRR14-35 ergänzt die in pR14-5.3.3.1 enthaltene Ca-Kanal cDNA zum 5'-Ende um 129 AS und eliminiert hierbei die artifiziell vorhandene Alu-repeat Sequenz am 5'-Ende dieses Klons. Beide Klone

können über eine gemeinsame Bgl II Restriktionsschnittstelle miteinander kombiniert werden.

Beschreibung zu den Abbildungen:

5 Im oberen Teil (A) von Abbildung 1 ist die cDNA des Skelettmuskel Ca-Kanals des Karpfens mit den Schnittstellen für einige Restriktionsendonukleasen und den Subfragmenten dargestellt, die als Screeningproben verwendet wurden. Im unteren Teil (B) sind DNA Fragmente der humanen Klone p1247-5.1.2.1.1 und p1247-14.1.1, die mit den Restriktionsenzymen EcoRI/SacI bzw. EcoRI/KpnI erzeugt wurden, sowie das gesamte cDNA Insert des Klons p1247-9.1.1.2, die ebenfalls als Screeningproben verwendet wurden.

10 Abbildung 2 zeigt im oberen Teil (A) eine schematische Darstellung der α_1 -Untereinheit des Skelettmuskel Ca-Kanals vom Kaninchen. Die 4 Domänen sind als Kästen gekennzeichnet und mit römischen Ziffern beschriftet. Innerhalb dieser Domänen sind die Transmembranbereiche als schwarze Blöcke hervorgehoben. Im unteren Teil (B) sind die Teilstücke der bisher isolierten humanen neuronalen Ca-Kanäle entsprechend ihrer Größe und ihrer Homologie zu dem Kaninchen Skelettmuskel Ca-Kanal Protein angeordnet.

15
Abbildung 3:

Schematische Darstellung der Klonierung und Expression gewebespezifischer humaner neuronaler Calcium-Kanal-Subtypen und deren Verwendung in einem Testsystem. Die vollständige, für einen Calcium-Kanal-Subtyp kodierende cDNA wird mittels geeigneter Restriktionsschnittstellen aus überlappenden
20 Lambda-Phagen zusammengesetzt und in einen eukaryontischen Expressionsvektor kloniert.

Mit diesem Vektor werden geeignete eukaryontische Zellen transformiert und stabile Zelllinien hergestellt, die das Protein eines Calcium-Kanal-Subtyps exprimieren. Diese stabilen Zelllinien werden dann in den beschriebenen Rezeptor-Bindungstest eingesetzt.

25 Zusätzlich in die für den Calcium-Kanal kodierende cDNA eingeführte Mutationen sollen zur Identifizierung von Struktur-Funktionsdomänen führen.

30

35

40

45

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/1
 Int. Code: pCA33
 Länge: 683 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5
 10 30 50
 GTCCTCTCTGCTATGATGGCGCTCTTCACAGTCTCCACGTTTGAGGGCTGGCCTCGCTTG
 ValLeuSerAlaMetMetAlaLeuPheThrValSerThrPheGluGlyTrpProAlaLeu
 10
 70 90 110
 CTGTATAAAGCCATCGACTCGAATGGAGAGAACATCGGCCCAATCTACAACCACCGCTG
 LeuTyrLysAlaIleAspSerAsnGlyGluAsnIleGlyProIleTyrAsnHisArgVal
 15
 130 150 170
 GAGATCTCCATCTTCTTCATCATCTACATCATATTGTAGCTTTCTTCATGATGAACATC
 GluIleSerIlePhePheIleIleTyrIleIleIleValAlaPhePheMetMetAsnIle
 20
 190 210 230
 TTTGTGGGCTTTGTCATCGTTACATTTTCAGGAACAAGGAGAAAAAGAGTATAAGAACTGT
 PheValGlyPheValIleValThrPheGlnGluGlnGlyGluLysGluTyrLysAsnCys
 25
 250 270 290
 GAGCTGGACPAATAATCAGCGTCAGTGTGTTGAATACGCCTTGAAAGCACGTCCCTTGCGG
 GluLeuAspLysAsnGlnArgGlnCysValGluTyrAlaLeuLysAlaArgProLeuArg
 30
 310 330 350
 AGATACATCCCCAAAAACCCCTACCAGTACAAGTTCTGGTACGTGGTGAACCTCTTCGCT
 ArgTyrIleProLysAsnProTyrGlnTyrLysPheTrpTyrValValAsnSerSerPro
 35
 370 390 410
 TTCGAATACATGATGTTTGTCTCATCATGCTCAACACACTCTGCTTGGCCATGCAGCAC
 PheGluTyrMetMetPheValLeuIleMetLeuAsnThrLeuCysLeuAlaMetGlnHis
 40
 430 450 470
 TACGAGCAGTCCAAGATGTTCAATGATGCCATGGACATTCTGAACATGGTCTTCACCGGG
 TyrGluGlnSerLysMetPheAsnAspAlaMetAspIleLeuAsnMetValPheThrGly
 45
 490 510 530
 GTGTTACCCGTCGAGATGGTTTTGAAAGTCATCGCATTAAAGCCTAAGGGGTATTTTAGT
 ValPheThrValGluMetValLeuLysValIleAlaPheLysProLysGlyTyrPheSer
 50
 550 570 590
 GACGCCTGGAACACGTTTGACTCCCTCATCGTAATCGGCAGCATTATAGACGTGGCCCTC
 AspAlaTrpAsnThrPheAspSerLeuIleValIleGlySerIleIleAspValAlaLeu
 55
 610 630 650
 AGCGAAGCAGACCCAACTGAAAGTGAAATGTCCCTGTCCCACTGCTACACCTGGGAC
 SerGluAlaAspProThrGluSerGluAsnValProValProThrAlaThrProGlyAsn
 670
 TCTGAAGAGAGCAATAGAAATC
 SerGluGluSerAsnArgIle

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/2

Int. Code: p1247-5.1.2.1.1 (entire clone)

Länge: 4919 bp

Typ: DNA + Aminosäure

10 30 50
 10 GGAGAACCGAAGGGCTTTCATGAAGCTGCGGCCACGAGCAGATTGAGCGTGACGTGAAT
 GluAsnArgArgAlaPheMetLysLeuArgArgHisGluGlnIleGluArgAspValAsn

 15 70 90 110
 20 GGCTACCGTGCCTGGATAGACAAAGCAGAGGAAGTCATGCTCGCTGAAGAAAATAAAAAT
 GlyTyrArgAlaTrpIleAspLysAlaGluGluValMetLeuAlaGluGluAsnLysAsn

 130 150 170
 25 GCTGGAACATCCGCCTTAGAAGTGCTTCGAAGGGCAACCATGAAGAGGAGCCGGACAGAG
 AlaGlyThrSerAlaLeuGluValLeuArgArgAlaThrMetLysArgSerArgThrGlu

 190 210 230
 30 GCCATGACTCGAGACTCCAGTGATGAGCACTGTGTTGATATCTCCTCTGTGGGCACACCT
 AlaMetThrArgAspSerSerAspGluHisCysValAspIleSerSerValGlyThrPro

 250 270 290
 35 CTGGCCCGAGCCAGTATCAAAGTGCAAAGGTAGACGGGGTCTCTTATTTCCGGCACAAG
 LeuAlaArgAlaSerIleLysSerAlaLysValAspGlyValSerTyrPheArgHisLys

 310 330 350
 40 GAAAGGCTTCTGCGCATCTCCATTGCCACATGGTTAAATCCCAGGTGTTTTACTGGATT
 45 GluArgLeuLeuArgIleSerIleArgHisMetValLysSerGlnValPheTyrTrpIle

 50

 55

p1247-5.1.2.1.1, cont.

5 370 390 410
GTGCTGAGCCTTGTGGCACTCAACACTGCCTGTGTGGCCATTGTCCATCACAACCAGCCC
ValLeuSerLeuValAlaLeuAsnThrAlaCysValAlaIleValHisHisAsnGlnPro
10 430 450 470
CAGTGGCTCACCACCTCCTCTACTATGCAGAATTTCTGTTTCTGGGACTCTTCCTCTTG
GlnTrpLeuThrHisLeuLeuTyrTyrAlaGluPheLeuPheLeuGlyLeuPheLeuLeu
15 490 510 530
GAGATGTCCCTGAAGATGTATGGCATGGGGCCTGCCCTTTATTTTCACTCTTCATTCAAC
GluMetSerLeuLysMetTyrGlyMetGlyProAlaLeuTyrPheHisSerSerPheAsn
20 550 570 590
TGCTTTGATTTTGGGGTCACAGTGGGCAGTATCTTTGAAGTGGTCTGGGCAATCTTCAGA
CysPheAspPheGlyValThrValGlySerIlePheGluValValTrpAlaIlePheArg
25 610 630 650
CCTGGTACGTCTTTTGAATCAGTGTCTTGCGAGCCCTCCGGCTTCTAAGAATATTTAAA
ProGlyThrSerPheGlyIleSerValLeuArgAlaLeuArgLeuLeuArgIlePheLys
30 670 690 710
ATAACCAAGTATTGGGCTTCCCTACGGAATTTGGTGGTCTCCTTGATGAGCTCAATGAAG
IleThrLysTyrTrpAlaSerLeuArgAsnLeuValValSerLeuMetSerSerMetLys
35
40
45
50
55

p1247-5.1.2.1.1, cont.

5 730 750 770
 TCTATCATCAGTTTGGCTTTTCCTCCTCTTCCTCTTCATCGTTGTCTTTGCTCTCCTAGGA
 SerIleIleSerLeuLeuPheLeuLeuPheLeuPheIleValValPheAlaLeuLeuGly
 10 790 810 830
 ATGCAGTTATTTGGAGGCAGGTTTAACTTTAATGATGGGACTCCTTCGGCAAATTTTGAT
 MetGlnLeuPheGlyGlyArgPheAsnPheAsnAspGlyThrProSerAlaAsnPheAsp
 15 850 870 890
 ACCTTCCCTGCAGCCATCATGACTGTGTTCCAGATCCTGACGGGTGAGGACTGGAATGAG
 ThrPheProAlaAlaIleMetThrValPheGlnIleLeuThrGlyGluAspTrpAsnGlu
 20 910 930 950
 GTGATGTACAATGGGATCCGCTCCCAGGGTGGGGTCAGCTCAGGCATGTGGTCTGCCATC
 ValMetTyrAsnGlyIleArgSerGlnGlyGlyValSerSerGlyMetTrpSerAlaIle
 25 970 990 1010
 TACTTCATTGTGCTCACCTTGTTTGGCAACTACACGCTACTGAATGTGTTCTTGGCTATC
 TyrPheIleValLeuThrLeuPheGlyAsnTyrThrLeuLeuAsnValPheLeuAlaIle
 30 1030 1050 1070
 GCTGTGGATAATCTCGCCAACGCCCAGGAACTGACCAAGGATGAACAGGAGGAAGAAGAG
 AlaValAspAsnLeuAlaAsnAlaGlnGluLeuThrLysAspGluGlnGluGluGluGlu
 35 1090 1110 1130
 GCCTTCAACCAGAAACATGCACCTGCAGAAGGCCAAGGAGGTCAGCCCGATGTCTGCACCC
 AlaPheAsnGlnLysHisAlaLeuGlnLysAlaLysGluValSerProMetSerAlaPro
 40
 45
 50
 55

p1247-5.1.2.1.1, cont.

5 1150 1170 1190
 AACATGCCTTCGATCGAAAGAGACAGAAGGAGAAGACACCACATGTCGATGTGGGAGCCA
 AsnMetProSerIleGluArgAspArgArgArgArgHisHisMetSerMetTrpGluPro
 10 1210 1230 1250
 CGCAGCAGCCACCTGAGGGAGCGGagggcgccGGCACCACATGTCCGTGTGGGAGCAGCGT
 ArgSerSerHisLeuArgGluArgArgArgArgHisHisMetSerValTrpGluGlnArg
 15 1270 1290 1310
 ACCAGCCAGCTGAGGAAGCACATGCAGATGTCCAGCCAGGAGGCCCTCAACAGAGAGGAG
 ThrSerGlnLeuArgLysHisMetGlnMetSerSerGlnGluAlaLeuAsnArgGluGlu
 20 1330 1350 1370
 GCGCCGACCATGAACCCGCTCAACCCCTCAACCCGCTCAGCTCCCTCAACCCGCTCAAT
 AlaProThrMetAsnProLeuAsnProLeuAsnProLeuSerSerLeuAsnProLeuAsn
 25 1390 1410 1430
 GCCACCCCAGCCTTTATCGGCGACCCAGGGCCATTGAGGGCTGGCCTGGGCTGGCCCTG
 AlaHisProSerLeuTyrArgArgProArgAlaIleGluGlyTrpProGlyLeuAlaLeu
 30 1450 1470 1490
 GAGAAGTTTCGAGGAGGAGCGCATCAGCCGTGGGGGGTCCCTCAAGGGGGATGGAGGGGAC
 GluLysPheGluGluGluArgIleSerArgGlyGlySerLeuLysGlyAspGlyGlyAsp
 35 1510 1530 1550
 CGATCCAGTGGCCCTGGACAACCAGAGGACCCCTTTGTCCCTGGGCCAGCGGGAGCCACCA
 ArgSerSerAlaLeuAspAsnGlnArgThrProLeuSerLeuGlyGlnArgGluProPro
 40
 45
 50
 55

p1247-5.1.2.1.1, cont.

5

1570

1590

1610

TGGCTGGCCAGGCCCTGTCATGGAAACTGTGACCCGACTCAGCAGGAGGCAGGGGGAGGA

10

TrpLeuAlaArgProCysHisGlyAsnCysAspProThrGlnGlnGluAlaGlyGlyGly

1630

1650

1670

15

GAGGCTGTGGTGACCTTTGAGGACCGGGCCAGGCACAGGCAGAGCCAACGGCGCAGCGCG

GluAlaValValThrPheGluAspArgAlaArgHisArgGlnSerGlnArgArgSerAla

1690

1710

1730

20

CATCGCCGCGTCAGGACAGAAGGCAAGGAGTCCTCTTCAGCCTCCCGGAGCAGGTCTGCC

HisArgArgValArgThrGluGlyLysGluSerSerSerAlaSerArgSerArgSerAla

25

1750

1770

1790

AGCCAGGAACGCAGTCTGGATGAAGCCATGCCCACTGAAGGGGAGAAGGACCATGAGCTC

SerGlnGluArgSerLeuAspGluAlaMetProThrGluGlyGluLysAspHisGluLeu

30

1810

1830

1850

35

AGGGGCAACCATGGTGCCAAAGGAGCCAACGATCCAAGAAGAGAGAGCCCAGGATTTAAGG

ArgGlyAsnHisGlyAlaLysGluProThrIleGlnGluGluArgAlaGlnAspLeuArg

1870

1890

1910

40

AGGACCAACAGTCTGATGGTGTCCAGAGGCTCCGGGCTGGCAGGAGGCCCTTGATGAGGCT

ArgThrAsnSerLeuMetValSerArgGlySerGlyLeuAlaGlyGlyLeuAspGluAla

45

1930

1950

1970

GACACCCCCTAGTCCTGCCCCATCCTGAGCTGGAAGTGGGGAACGACGTGGTGTGACG

AspThrProLeuValLeuProHisProGluLeuGluValGlyAsnAspValValSerThr

50

55

p1247-5.1.2.1.1, cont.

5

1990

2010

2030

GAGCAGGAGCCAGAAGGCAGCAGTGAGCAGGCCCTGCTGGGGAATGTGCAGCTAGACATG

10

GluGlnGluProGluGlySerSerGluGlnAlaLeuLeuGlyAsnValGlnLeuAspMet

2050

2070

2090

GGCCGGGTCTATCAGCCAGAGCGAGCCTGACCTCTCCTGCATCACGGCCAACACGGACAAG

15

GlyArgValIleSerGlnSerGluProAspLeuSerCysIleThrAlaAsnThrAspLys

2110

2130

2150

GCCACCACCGAGAGCACCAGCGTCACCGTCGCCATCCCCGACGTGGACCCCTTGGTGGAC

20

AlaThrThrGluSerThrSerValThrValAlaIleProAspValAspProLeuValAsp

25

2170

2190

2210

TCAACCGTGGTGACATTAGCAACAAGACGGATGGGGAAGCCAGTCCCTTGAAGGAGGCA

SerThrValValHisIleSerAsnLysThrAspGlyGluAlaSerProLeuLysGluAla

30

2230

2250

2270

GAGATCAGAGAGGATGAGGAGGAGGTGGAGAAGAAGAAGCAGAAGAAGGAGAAGCGTGAG

35

GluIleArgGluAspGluGluGluValGluLysLysLysGlnLysLysGluLysArgGlu

2290

2310

2330

ACAGGCAAAGCCATGGTGCCCCACAGCTCAATGTTTCATCTTCAGCACCACCAACCCGATC

40

ThrGlyLysAlaMetValProHisSerSerMetPheIlePheSerThrThrAsnProIle

2350

2370

2390

CGGAGGGCCTGCCACTACATCGTGAACCTGCGCTACTTTGAGATGTGCATCCTCCTGGTG

45

ArgArgAlaCysHisTyrIleValAsnLeuArgTyrPheGluMetCysIleLeuLeuVal

50

55

p1247-5.1.2.1.1, cont.

5 2410 2430 2450
 ATTGCAGCCAGCAGCATCGCCCTGGCGGCAGAGGACCCCGtCctGACCAACTCGGAGCGC
 IleAlaAlaSerSerIleAlaLeuAlaAlaGluAspProValLeuThrAsnSerGluArg
 10
 2470 2490 2510
 AACAAAGTcCTGAGGTATTTTGGACTATGTGTTCACGgGCGAGTTCACCTTTGAGATGGTT
 AsnLysValLeuArgTyrPheAspTyrValPheThrGlyGluPheThrPheGluMetVal
 15
 2530 2550 2570
 ATAAAGATGATAGACCAAGGCTTGATCCTGCAGGATGGGTcCTACTTCCGAGACTTGTGG
 IleLysMetIleAspGlnGlyLeuIleLeuGlnAspGlySerTyrPheArgAspLeuTrp
 20
 2590 2610 2630
 AACATCCTGGACTTTGTGGTGGTCGTTGGCGCATTGGTGGCCTTTGCTCTGGCGAACGCT
 AsnIleLeuAspPheValValValValGlyAlaLeuValAlaPheAlaLeuAlaAsnAla
 25
 2650 2670 2690
 TTGGGAACCAACAAAGGACGGGACATCAAGACCATCAAGTCTCTGCGGGTGCTCCGAGTT
 LeuGlyThrAsnLysGlyArgAspIleLysThrIleLysSerLeuArgValLeuArgVal
 30
 2710 2730 2750
 CTAAGGCCACTGAAAACCATCAAGCGCTTGCCCAAGCTCAAGGCCGTCTTCGACTGCGTA
 LeuArgProLeuLysThrIleLysArgLeuProLysLeuLysAlaValPheAspCysVal
 35
 2770 2790 2810
 GTGACCTCCTTGAAGAATGTCTTCAACATACTCATTGTGTACAAGCTCTTCATGTTTCATC
 ValThrSerLeuLysAsnValPheAsnIleLeuIleValTyrLysLeuPheMetPheIle
 40
 45
 50
 55

p1247-5.1.2.1.1, cont.

5 2830 2850 2870
 TTTGCTGTCATCGCAGTTCAGCTCTTCAAGGGAAAGTTCTTTTATTGCACGGACAGTTCC
 PheAlaValIleAlaValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheTyrCysThrAspSerSer
 10
 2890 2910 2930
 AAGGACACAGAGAAGGAGTGCATAGGCAACTATGTAGATCATGAGAAAACAAGATGGAG
 15 LysAspThrGluLysGluCysIleGlyAsnTyrValAspHisGluLysAsnLysMetGlu
 2950 2970 2990
 20 GTGAAGGGCCGGGAATGGAAGCGCCATGAATTCCACTACGACAACATTATCTGGGCCCTG
 ValLysGlyArgGluTrpLysArgHisGluPheHisTyrAspAsnIleIleTrpAlaLeu
 3010 3030 3050
 25 CTGACCCCTCTTCACCGTCTCCACAGGGGAAGGATGGCCTCAAGTTCTGCAGCACTCTGTA
 LeuThrLeuPheThrValSerThrGlyGluGlyTrpProGlnValLeuGlnHisSerVal
 30
 3070 3090 3110
 GATGTGACAGAGGAAGACCGAGGCCCAAGCCGCAGCAACCGCATGGAGATGTCTATCTTT
 35 AspValThrGluGluAspArgGlyProSerArgSerAsnArgMetGluMetSerIlePhe
 3130 3150 3170
 40 TATGTAGTCTACTTTGTGGTCTTCCCCTTCTTCTTTGTCAATATCTTTGTGGCTCTCATC
 TyrValValTyrPheValValPheProPhePhePheValAsnIlePheValAlaLeuIle
 3190 3210 3230
 45 ATCATCACCTTCCAGGAGCAAGGGGATAAGATGATGGAGGAGTGCAGCCTGGAGAAGAAT
 IleIleThrPheGlnGluGlnGlyAspLysMetMetGluGluCysSerLeuGluLysAsn
 50
 55

p1247-5.1.2.1.1, cont.

5

3250

3270

3290

GAGAGGGCGTGCATCGACTTCGCCATCAGCGCCAAACCTCTCACCCGCTACATGTTGCAG

10

GluArgAlaCysIleAspPheAlaIleSerAlaLysProLeuThrArgTyrMetLeuGln

3310

3330

3350

AACAGACACACCTTCCAGTACCGCGTGTGGCACTTTGTGGTGTCTCCGTCCTTTGAGTAC

15

AsnArgHisThrPheGlnTyrArgValTrpHisPheValValSerProSerPheGluTyr

3370

3390

3410

ACCATTATGGCCATGATCGCCTTGAATACTGTTGTGCTGATGATGAAGTATTATTCTGCT

20

ThrIleMetAlaMetIleAlaLeuAsnThrValValLeuMetMetLysTyrTyrSerAla

25

3430

3450

3470

CCCTGTACCTATGAGCTGGCCCTGAAGTACCTGAATATCGCCTTCACCATGGTGTTC

30

ProCysThrTyrGluLeuAlaLeuLysTyrLeuAsnIleAlaPheThrMetValPheSer

3490

3510

3530

CTGGAATGTGTCCTGAAGGTCATCGCTTTTGGCTTTTGAAGTATTTCCGAGACACCTGG

35

LeuGluCysValLeuLysValIleAlaPheGlyPheLeuAsnTyrPheArgAspThrTrp

3550

3570

3590

AATATCTTTGACTTCATCACCGTGATTGGCAGTATCACAGAAATTATCCTGACAGACAGC

40

AsnIlePheAspPheIleThrValIleGlySerIleThrGluIleIleLeuThrAspSer

45

3610

3630

3650

AAGCTGGTGAACACCAGTGGCTTCAATATGAGCTTTCTGAAGCTCTTCCGAGCTGCCCCG

50

LysLeuValAsnThrSerGlyPheAsnMetSerPheLeuLysLeuPheArgAlaAlaArg

55

p1247-5.1.2.1.1, cont.

5 3670 3690 3710
 CTCATAAAGCTCCTGCGTCAGGGCTATACCATACGCATTTTGCTGTGGACCTTTGTGCAG
 LeuIleLysLeuLeuArgGlnGlyTyrThrIleArgIleLeuLeuTrpThrPheValGln
 10
 3730 3750 3770
 TCCTTTAAGGCCCTCCCTTATGTCTGCCITTTAATTGCCATGCTTTTCTTCATTTATGCC
 SerPheLysAlaLeuProTyrValCysLeuLeuIleAlaMetLeuPhePheIleTyrAla
 15
 3790 3810 3830
 ATCATTGGGATGCAGGTATTTGGAAACATAAAATTAGACGAGGAGAGTCACATCAACCGG
 IleIleGlyMetGlnValPheGlyAsnIleLysLeuAspGluGluSerHisIleAsnArg
 20
 3850 3870 3890
 CACAACAACCTCCGGAGTTTCTTTGGGTCCCTAATGCTACTCTTCAGGAGTGCCACAGGT
 HisAsnAsnPheArgSerPhePheGlySerLeuMetLeuLeuPheArgSerAlaThrGly
 25
 3910 3930 3950
 GAGGCCTGGCAGGAGATTATGCTGTCATGCCTTGCGGAGAAGGGCTGTGAGCCTGACACC
 GluAlaTrpGlnGluIleMetLeuSerCysLeuGlyGluLysGlyCysGluProAspThr
 30
 3970 3990 4010
 ACCGCACCATCAGGGCAGAACGAGAACGAACGCTGCGGCACCGATCTGGCCTACGTGTAC
 ThrAlaProSerGlyGlnAsnGluAsnGluArgCysGlyThrAspLeuAlaTyrValTyr
 40
 4030 4050 4070
 TTTGTCTCCTTCATCTTCTTCTGCTCCTTCTTGATGCTCAACCTGTTTGTGGCCGTCATC
 PheValSerPheIlePhePheCysSerPheLeuMetLeuAsnLeuPheValAlaValIle
 45
 50
 55

1247-5.1.2.1.1, cont.

5 4090 4110 4130
 ATGGACAAC[•]TTTGAGTAC[•]CTGACTCGGG[•]ACTCCTCCAT[•]CCTGGGG[•]CCTCACC[•]ACTTGG[•]AC
 MetAspAsnPheGluTyrLeuThrArgAspSerSerIleLeuGlyProHisHisLeuAsp
 10
 4150 4170 4190
 GAGTTTGT[•]CCGCGTCTGGG[•]CAGAATATG[•]ACCGAGCAGCATGGT[•]GCGTAGGCC[•]CCTCGG[•]CC
 GluPheValArgValTrpAlaGluTyrAspArgAlaAlaTrpCysValGlyProSerAla
 15
 4210 4230 4250
 CCGCCAGCGAGCGGG[•]GCCCAGAGCAAAGGTCTCTGGAGTTCC[•]CAGGGAAGAGGCTGGA[•]AT
 ProProAlaSerGlyAlaGlnSerLysGlyLeuTrpSerSerGlnGlyArgGlyTrpAsn
 20
 4270 4290 4310
 TGGAGCCACCCAAATGCC[•]TGCCTGTTACAGAAGGAAAGGAGATTCTCT[•]TGATTGTGG[•]CC
 TrpSerHisProAsnAlaCysLeuLeuGlnLysGluArgArgPheLeuLeuIleValAla
 25
 4330 4350 4370
 CATAGAAGAGGCTCTGGTATCAAGCCAGTCACCAAGGACTTCTGTATCCTCCTTTCC[•]CCT
 HisArgArgGlySerGlyIleLysProValThrLysAspPheCysIleLeuLeuSerPro
 30
 4390 4410 4430
 CTC[•]TTTCCTTCTGTGACAGGGTTTTCCCTTTGTGGGCTGGTCTCATCATCCAGTCCTC[•]AC
 LeuPheProSerValThrGlyPheSerLeuCysGlyLeuValSerSerSerSerProHis
 35
 4450 4470 4490
 CTCAGATTATTTGGGCTCAGTCCCAAGAGAACTTTCCAATAATCTTTT[•]CTGCCAATGGT
 LeuArgLeuPheGlyLeuSerProLysArgThrPheGlnEnd
 40
 45
 50
 55

p1247-5.1.2.1.1, cont.

5

4510

4530

4550

TAGTGGACTCCTTTGAGTTATCAGGGGGTTTGACAAGGGTTTTTGGCCAGCTGGACATCT

10

4570

4590

4610

GGCCACCATGATCAGTGACTGTGTTTTCTCTTCTCGTTCCTCTCAACAGATACAGTTGG

15

4630

4650

4670

ATATAACTCTGAAATTATTTTTTAAAAACCAACAAGTTGTTCTTCCAAGTGTTCCTTA

20

4690

4710

4730

AATATTTGTGGATTTTTATTACATGGAATAAATAAATGGTAGGAATTGGTGAAGATAA

25

4750

4770

4790

CTTCTTTACTGTCTCTTTTGCTGTTTAGTAGTTCTGAAGTGATAGCGTGCCTTCTAGGCT

30

4810

4830

4850

CTAGAGCAGGGATTGGCAAACCTACATCCCATGGGCAAAATTCAGCCCATTGTCTGTTTTT

35

4870

4890

4910

GCAAATAAAGTTTGGTCcGTCTTGCGCCGGTCCAAGAATTCACCTCTAGCGGCGCAA

40

45

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/3
 Int. Code: p1247-9.1.1.2 entire clone
 Länge: 811 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 30 50
 GGTCAACTCCACCTACTTCGAGTACCTGATGTTTCGTCCTCATCCTGCTCAACACCATCTGC
 ValAsnSerThrTyrPheGluTyrLeuMetPheValLeuIleLeuLeuAsnThrIleCys

70 90 110
 CTGGCCATGCAGCACTACGGCCAGAGCTGCCTGTTCAAATCGCCATGAACATCCTCAAC
 LeuAlaMetGlnHisTyrGlyGlnSerCysLeuPheLysIleAlaMetAsnIleLeuAsn

130 150 170
 ATGCTCTTCACTGGCCTCTTCACCGTGGAGATGATCCTGAAGCTCATTGCCTTCAAACCC
 MetLeuPheThrGlyLeuPheThrValGluMetIleLeuLysLeuIleAlaPheLysPro

190 210 230
 AAGCACTATTTCTGTGATGCATGGAATACATTTGACnCCCTGATTGTTGTGGGTAGCATT
 LysHisTyrPheCysAspAlaTrpAsnThrPheAspXxxLeuIleValValGlySerIle

250 270 290
 GTTGATATAGCAATCACCGAGGTAAACCCAGCTGAACATACCCAATGCTCTCCCTCTATG
 ValAspIleAlaIleThrGluValAsnProAlaGluHisThrGlnCysSerProSerMet

310 330 350
 AAacgcAGAGGAAAACCTCCCGCATCTCCATCACCTTCTTCCGCCTGTTCCGGGTCATGCGT
 AsnAlaGluGluAsnSerArgIleSerIleThrPhePheArgLeuPheArgValMetArg

370 390 410
 CTGGTGAAGCTGCTGAGCCGTGGGGAGGGCATCCGGACGCTGCTGTGGACCTTCATCAAG
 LeuValLysLeuLeuSerArgGlyGluGlyIleArgThrLeuLeuTrpThrPheIleLys

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/3
 Int. Code: p1247-9.1.1.2 entire clone
 Länge: 811 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

```

      430              450              470
TCCTTCCAGGCCCTGCCCTATGTGGCCCTCCTGATCGTGATGCTGTTCTTCATCTACCGG
SerPheGlnAlaLeuProTyrValAlaLeuLeuIleValMetLeuPhePheIleTyrAla

      490              510              530
GtGATCGGGATGCAGGTGTTTGGGAAAATTGCCCTGAATGATACCACAGAGATCAACCGG
ValIleGlyMetGlnValPheGlyLysIleAlaLeuAsnAspThrThrGluIleAsnArg

      550              570              590
AACAAACACTTTCAGACCTTCCCCCAGGCCGTGCTGCTCCTCTTCAGGTGTGCCACCGGG
AsnAsnAsnPheGlnThrPheProGlnAlaValLeuLeuLeuPheArgCysAlaThrGly

      610              630              650
GAGGCCTGGCAGGACATCATGCTGGCCTGCATGCCAGGCAAGAAGTGTCCTCCAGAGTCC
GluAlaTrpGlnAspIleMetLeuAlaCysMetProGlyLysLysCysAlaProGluSer

      670              690              710
GAGCCCAGCAACAGCACGGAGGGTGAAACACCCTGTGGTAGCAGCTTTGCTGTCTTCTAC
GluProSerAsnSerThrGluGlyGluThrProCysGlySerSerPheAlaValPheTyr

      730              750              770
TTCATCAGCTTCTACATGCTCTGTGCCTTCCTGATCATCAACCTCTTTGTAGCTGTCATC
PheIleSerPheTyrMetLeuCysAlaPheLeuIleIleAsnLeuPheValAlaValIle

      790              810
ATGGACAACCTTTGACTACCTGACAAGGGAC
MetAspAsnPheAspTyrLeuThrArgAsp

```


Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/4
 Int. Code: p1247-10.1.1.1, entire clone
 Länge: 1.354 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 10 30 50
 GTGGTGTTCCTTCTTCTTTGTCAATATCTTTGTGGCCTTGATCATCATCACCTTCCAG
 ValValPheProPhePhePheValAsnIlePheValAlaLeuIleIleIleThrPheGln

15 70 90 110
 GAGCAAGGGGACAAGATGATGGAGGAATACAGCCTGGAGAAAAATGAGAGGGCCTGCATT
 GluGlnGlyAspLysMetMetGluGluTyrSerLeuGluLysAsnGluArgAlaCysIle

20 130 150 170
 GATTTTCGCCATCAGCGCCAAGCCGCTGACCCGACACATGCCGCAGAACAAAGCAGAGCTTC
 AspPheAlaIleSerAlaLysProLeuThrArgHisMetProGlnAsnLysGlnSerPhe

25 190 210 230
 CAGTACCGCATGTGGCAGTTCGTGGTGTCTCCGCCTTTCGAGTACACGATCATGGCCATG
 GlnTyrArgMetTrpGlnPheValValSerProProPheGluTyrThrIleMetAlaMet

30 250 270 290
 ATCGCCCTCAACACCATCGTGCTTATGATGAAGTTCTATGGGGCTTCTGTTGCTTATGAA
 IleAlaLeuAsnThrIleValLeuMetMetLysPheTyrGlyAlaSerValAlaTyrGlu

35 310 330 350
 AATGCCCTGCGGGTGTTCACATCGTCTTACCTCCCTCTTCTCTCTGGAATGTGTGCTG
 AsnAlaLeuArgValPheAsnIleValPheThrSerLeuPheSerLeuGluCysValLeu

40 370 390 410
 AAAGTCATGGCTTTTGGGATTCTGAATTATTTCCGCGATGCCTGGAACATCTTCGACTTT
 LysValMetAlaPheGlyIleLeuAsnTyrPheArgAspAlaTrpAsnIlePheAspPhe

45 50 55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/4
 Int. Code: p1247-10.1.1.1, entire clone
 Länge: 1.354 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

430	450	470
GTGACTGTTCTGGGCAGCATCACCGATATCCTCGTGACTGAGTTTGGGAATAACTTCATC ValThrValLeuGlySerIleThrAspIleLeuValThrGluPheGlyAsnAsnPheIle		
490	510	530
AACCTGAGCTTTCTCCGCCCTCTCCGAGCTGCCCGGCTCATCAAACTTCTCCGTCAGGGT AsnLeuSerPheLeuArgLeuPheArgAlaAlaArgLeuIleLysLeuLeuArgGlnGly		
550	570	590
TACACCATCCGcATTCTTCTCTGGACCTTGTGTCAGTCCTTCAAGGCCCTGCCTTATGTC TyrThrIleArgIleLeuLeuTrpThrPheValGlnSerPheLysAlaLeuProTyrVal		
610	630	650
TGTCTGCTGATCGCCATGCTCTTCTTCATCTATGCCATCATTGGGATACAGGTGTTTGGT CysLeuLeuIleAlaMetLeuPhePheIleTyrAlaIleIleGlyIleGlnValPheGly		
670	690	710
AACATTGGCATCGACGTGGAGGACGAGGACAGTGATGAAGATGAGTTCCAAATCACTGAG AsnIleGlyIleAspValGluAspGluAspSerAspGluAspGluPheGlnIleThrGlu		
730	750	770
CACAATAACTTCCGGACCTTCTTCCAGGCCCTCATGCTTCTCTTCCGGAGTGCCACCGGG HisAsnAsnPheArgThrPhePheGlnAlaLeuMetLeuLeuPheArgSerAlaThrGly		
790	810	830
GAAGCTTGGCACAACATCATGCTTTCCTGCCTCAGCGGGAAACCGTGTGATAAGAACTCT GluAlaTrpHisAsnIleMetLeuSerCysLeuSerGlyLysProCysAspLysAsnSer		

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/4
 Int. Code: p1247-10.1.1.1, entire clone
 Länge: 1.354 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

850	870	890
GGCATCCTGACTCGAGAGTGTGGCAATGAATTTGCTTATTTTACTTTGTTTCCTTCATC		
GlyIleLeuThrArgGluCysGlyAsnGluPheAlaTyrPheTyrPheValSerPheIle		
910	930	950
TTCCTCTGCTCGTTTCTGATGCTGAATCTCTTTGTGCGCCGTCATCATGGACAACCTTGAG		
PheLeuCysSerPheLeuMetLeuAsnLeuPheValAlaValIleMetAspAsnPheGlu		
970	990	1010
TACCTCACCCGAGACTCCTCCATCCTGGGCCCCACCACCTGGATGAGTACGTGCGTGTC		
TyrLeuThrArgAspSerSerIleLeuGlyProHisHisLeuAspGluTyrValArgVal		
1030	1050	1070
TGGGCCGAGTATGACCCCGCAGCTTGGGGCCGCATGCCTTACCTGGACATGTATCAGATG		
TrpAlaGluTyrAspProAlaAlaTrpGlyArgMetProTyrLeuAspMetTyrGlnMet		
1090	1110	1130
CTGAGACACATGTCTCCGCCCTGGGTCTGGGAAGAAGTGTCCGGCCAGAGTGGCTTAC		
LeuArgHisMetSerProProLeuGlyLeuGlyLysLysCysProAlaArgValAlaTyr		
1150	1170	1190
AAGCTTCTTCTGCGGATGGACCTGCCCCGTGCAGATGACAACACCGTCCACTTCAATTCC		
LysLeuLeuLeuArgMetAspLeuProValAlaAspAspAsnThrValHisPheAsnSer		
1210	1230	1250
ACCCTCATGGCTCTGATCCGCACAGCCCTGgACATCAAGATTGCCAAGGNNGAGCCGAC		
ThrLeuMetAlaLeuIleArgThrAlaLeuAspIleLysIleAlaLysXxxGlyAlaAsp		

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/4
Int. Code: p1247-10.1.1.1, entire clone
Länge: 1.354 bp
Typ: DNA + Aminosäure

5

10

1270

1290

1310

AAACAGCAGATGGACGCTGAGCTGCGGAAGGAGATGATGGCGATTTGGCCCAATCTGTCC

LysGlnGlnMetAspAlaGluLeuArgLysGluMetMetAlaIleTrpProAsnLeuSer

15

1330

1350

CAGAAGACGCTAGACCTGCTGGTCACACCTCACA

GlnLysThrLeuAspLeuLeuValThrProHis

20

25

30

35

40

45

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/5

Int. Code: p1247-14.1.1.1, complete sequence

Länge: 5438 bp

Typ: DNA + Aminosäure

10
 10 30 50
 GGACTGCAGGGGTCAGTATTGGATTATGAGAAGGAGGAAGTGAAGCTCAGCCCAGGCAG
 15 AspCysArgGlyGlnTyrLeuAspTyrGluLysGluGluValGluAlaGlnProArgGln
 70 90 110
 20 TGGAAGAAATACGACTTTCACCTACGACAATGTGCTCTGGGCTCTGCTGACGCTGTTCA
 TrpLysLysTyrAspPheHisTyrAspAsnValLeuTrpAlaLeuLeuThrLeuPheThr
 130 150 170
 25 GTGTCCACGGGAGAAGGCTGGCCCATGGTGCTGAAACACTCCGTGGATGCCACCTATGAG
 ValSerThrGlyGluGlyTrpProMetValLeuLysHisSerValAspAlaThrTyrGlu
 190 210 230
 30 GAGCAGGGTCCAAGCCCTGGGTACCGCATGGAGCTGTCCATCTTCTACGTGGTCTACTTT
 GluGlnGlyProSerProGlyTyrArgMetGluLeuSerIlePheTyrValValTyrPhe
 250 270 290
 40 GTGGTCTTTCCCTTCTTCTTCGTCAACATCTTTGTGGCTTTGATCATCATCACCTTCCAG
 ValValPheProPhePhePheValAsnIlePheValAlaLeuIleIleIleThrPheGln
 310 330 350
 45 GAGCAGGGGGACAAGGTGATGTCTGAATGCAGCCTGGAGAAGAACGAGAGGGCTTGCATT
 GluGlnGlyAspLysValMetSerGluCysSerLeuGluLysAsnGluArgAlaCysIle
 50
 55

Sequenzprotokoll:
 Sequenz Nr.: 27980/5
 Int. Code: p1247-14.1.1.1, complete sequence
 Länge: 5438 bp
 Typ: DNA + Aminosäure
 p1247-14.1.1.1, cont.

```

10      370      390      410
      GACTTCGCCATCAGCGCCAAACCCCTGACACGGTACATGCCCCAAAACCGGCAGTCGTT
      AspPheAlaIleSerAlaLysProLeuThrArgTyrMetProGlnAsnArgGlnSerPhe

15      430      450      470
      CAGTATAAGACGTGGACATTTGTGGTCTCCCCGCCCTTTGAATACTTCATCATGGCCATG
      GlnTyrLysThrTrpThrPheValValSerProProPheGluTyrPheIleMetAlaMet

20      490      510      530
      ATAGCCCTCAACACTGTGGTGCTGATGATGAAGTTCTACGATGCACCCTATGAGTACGAG
      IleAlaLeuAsnThrValValLeuMetMetLysPheTyrAspAlaProTyrGluTyrGlu

25      550      570      590
      CTGATGCTGAAATGCCTGAACATCGTGTTCACATCCATGTTCTCCATGGAATGCGTGCTG
      LeuMetLeuLysCysLeuAsnIleValPheThrSerMetPheSerMetGluCysValLeu

30      610      630      650
      AAGATCATCGCCTTTGGGGTGCTGAACTATTTTCAGAGATGCCTGGAATGTCTTTGACTTT
      LysIleIleAlaPheGlyValLeuAsnTyrPheArgAspAlaTrpAsnValPheAspPhe

35      670      690      710
      GTCACGTGTTGGGAAGTATTACTGATATTTTAGTAACAGAGATTGCGAACAATTTTCATC
      ValThrValLeuGlySerIleThrAspIleLeuValThrGluIleAlaAsnAsnPheIle

40      730      750      770
      AACCTCAGCTTCCTCCGCCCTTTTCGAGCTGCGCGGCTGATCAAGCTGCTCCGCCAGGGC
      AsnLeuSerPheLeuArgLeuPheArgAlaAlaArgLeuIleLysLeuLeuArgGlnGly
  
```

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/5

Int. Code: p1247-14.1.1.1, complete sequence

Länge: 5438 bp

Typ: DNA + Aminosäure

p1247-14.1.1.1, cont.

10 790 810 830
 TACACCATCCGCATCCTGCTGTGGACCTTTGTCCAGTCCTTCAAGGCCCTGCCCTACGTG
 15 TyrThrIleArgIleLeuLeuTrpThrPheValGlnSerPheLysAlaLeuProTyrVal

 850 870 890
 TGTCTGCTCATTGCCATGCTGTTCTTCATCTACGCCATCATCGGCATGCAGGTGTTTGGG
 20 CysLeuLeuIleAlaMetLeuPhePheIleTyrAlaIleIleGlyMetGlnValPheGly

 910 930 950
 AATATTGCCCTGGATGATGACACCAGCATCAACGCCACAACAACTTCCGGACGTTTTTG
 25 AsnIleAlaLeuAspAspAspThrSerIleAsnArgHisAsnAsnPheArgThrPheLeu

 970 990 1010
 CAAGCCCTGATGCTGCTGTTTCAGGAGCGCCACGGGGGAGGCCTGGCACGAGTCATGCTGT
 30 GlnAlaLeuMetLeuLeuPheArgSerAlaThrGlyGluAlaTrpHisGluSerCysCys

 1030 1050 1070
 CCTGCCTGAGCAACCAGGCCTGTGATGAGCAGGCCAATGCCACCGAGTGTGGAAGTGACT
 40 ProAlaEnd

 1090 1110 1130
 TTGCCTACTTCTACTTCGTCTCCTTCATCTTCCTGTGCTCCTTTCTGATGTTGAACCTCT
 45

 1150 1170 1190
 TTGTGGCTGTGATCATGGACAATTTTGAGTACCTCACGCGGGACTCTTCATCCTAGGTC
 50

 55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/5

Int. Code: p1247-14.1.1.1, complete sequence

Länge: 5438 bp

Typ: DNA + Aminosäure

p1247-14.1.1.1, cont.

10 1210 1230 1250
CTCACCACTTGGATGAGTTCATCCGGGTCTGGGCTGAATACGACCCGGCTGCGTGTGGGC

15 1270 1290 1310
GCATCAGTTACAATGACATGTTTGAGATGCTGAAACACATGTCCCCGCCCTCTGGGGCTGG

20 1330 1350 1370
GGAAGAAATGCCCTGCTCGAGTTGCTTACAAGCGCCTGGTTCGCATGAACATGCCCATCT

25 1390 1410 1430
CCAACGAGGACATGACTGTTCACTTCACGTCCACGCTGATGGCCCTCATCCGGACGGCAC

30 1450 1470 1490
TGGAGATCAAGCTGGCCCCAGCTGGGACAAAGCAGCATCAGTGTGACGCGGAGTTGAGGA

35 1510 1530 1550
AGGAGATTTCGTTGTGTGGGCCAATCTGCCCCAGAAGACTTTGGACTTGCTGGTACCAC

40 1570 1590 1610
CCCATAAGCCTGATGAGATGACAGTGGGGAAGGTTTATGCAGCTCTGATGATATTGCACT

45 1630 1650 1670
TCTACAAGCAGAACAAAACCACCAGAGACCAGATGCAGCAGGCTCCTGGAGGCCTCTCCC

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/5
Int. Code: p1247-14.1.1.1, complete sequence
Länge: 5438 bp
Typ: DNA + Aminosäure

p1247-14.1.1.1, cont.

1690 1710 1730
AGATGGGTCCTGTGTCCCTGTTCCACCCCTCTGAAGGCCACCCTGGAGCAGACACAGCCGG

1750 1770 1790
CTGTGCTCCGAGGAGCCCGGGTTTTCTTCGACAGAAGAGTTCCACCTCCCTCAGCAATG

1810 1830 1850
GCGGGGCCATACAAAACCAAGAGAGTGGCATCAAAGAGTCTGTCTCCTGGGGCACTCAA

1870 1890 1910
GGACCCAGGAtgCACCCCATGAGGCCAGGCCACCCCTGGAGCGTGGCCACTCCACAGAGA

1930 1950 1970
TCCCTGTGGGGCGGTCAGGAGCACTGGCTGTGGACGTTTCTGATGCAGAGCATAACCCGGA

1990 2010 2030
GGGgcCCTGATGGGGAGCCCCAGCCTGGGCTGGAGAGCCAGGGTCGAGCGGCCTCCATGC

2050 2070 2090
CCCGCCTTGCGGCCGAGACTCAGCCCGTCACAGATGCCAGCCCCATGAAGCGCTCCATCT

2110 2130 2150
CCACGCTGGGCCAGCGGCCCGTGGGACTCATCTTTGCAGCACCACCCCGGACCGCCAC

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/5
Int. Code: p1247-14.1.1.1, complete sequenceLänge: 5438 bp
Typ: DNA + Aminosäure

p1247-14.1.1.1, cont.

2170 2190 2210
CCCCTAGCCAGGCGTCGTCGCACCACCACCACCACCGCTGCCACCGCCGCAGGGACAGGA

2230 2250 2270
AGCAGAGGTCCCTGGAGAAGGGGCCAGCCTGTCTGCCGATATGGATGGCGCACCAAGCA

2290 2310 2330
GTGCTGTGGGGCCGGGGCTGCCCCGGGAGAGGGGCCTACAGGCTGCCGGCGGAACGAG

2350 2370 2390
AGCGCCGGCAGGAGCGGAGCCGGTCCCAGGAGCGGAGGCAGCCCTCATCCTCCTCCTCGG

2410 2430 2450
AGAAGCAGCGCTTCTACTCCTGCGACCGCTTGGGGGCCGTGAGCCCCGAAGCCCAAGC

2470 2490 2510
CCTCCCTCAGCAGCCACCCAACGTCGCCAACAGCTGGCCAGGAGCCGGGACCCCAACCCAC

2530 2550 2570
AGGGCAGTGGTTCCGTGAATGGGAGCCCCCTTGCTGTCAACATCTGGTGCTAGCACCCCCG

2590 2610 2630
GCCGCGGTGGGCGGAGGCAGCTCCCCAGACGCCCTGACTCCCCGCCCCAGCATCACCT

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/5
Int. Code: p1247-14.1.1.1, complete sequence

Länge: 5438 bp
Typ: DNA + Aminosäure

p1247-14.1.1.1, cont.

10 2650 2670 2690
ACAAGACGGCCAACCTCCTCACCCATCCACTTCGCCGGGGCTCAGACCAGCCTCCCTGCCT

15 2710 2730 2750
TCTCCCCAGGCCGGCTCAGCCGTGGGCTTTCCGAACACAACGCCCTGCTGCAGAGAGACC

20 2770 2790 2810
CCCTCAGCCAGCCCCCTGGCCCCCTGGCTCTCGAATTGGCTCTGACCCTTACCTGGGGCAGC

25 2830 2850 2870
GTCTGGACAGTGAGGCCTCTGTCCACGCCCTGCCTGAGGACACGCTCACTTTCGAGGAGG

30 2890 2910 2930
CTGTGGCCACCAACTCGGGCCGCTCCTCCAGGACTTCCTACGTGTCCTCCCTGACCTCCC

35 2950 2970 2990
AGTCTCACCTCTCCGCCGCGTGCCCAACGGTTACCACTGCACCCTGGGACTCAGCTCGG

40 3010 3030 3050
GTGGCCGAGCACGGCACAGCTACCACCACCTGACCAAGACCACTGGTGCTAGCTGCACC

45 3070 3090 3110
GTGACCGCTCAGACGCCTGCATGCAGCAGGCGTGTGTTCCAGTGGATGAGTTTATCATC

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.:

27980/5

Int. Code:

p1247-14.1.1.1, complete sequence

Länge:

5438 bp

Typ:

DNA + Aminosäure

p1247-14.1.1.1, cont.

10

3130

3150

3170

CACACGGGGCAGTCGGCCcTCGGGGGAGGcCTTGCCcACCTTGGTGAGGCTCCTGTGGCC

15

3190

3210

3230

CCTCCCTCCCCCTCCTCCcCTCTTTACTCTAGACGACGAATAAAGCCcTGTTAGAGGAT

20

3250

3270

3290

GCGGCTCTCTGTGTCCcCTTCCTGTCTGCCTTCCTGGGtCTCGTACCACACACCAGACC

25

3310

3330

3350

CTAAACCGcCAGGCTGCTGTGTGTGGCTGAGAAGGACCcAGGAGTCCAAATCCCGTGTCCcT

30

3370

3390

3410

GGGACTCAGCATCCAGCATGGGTGCTTGGAGCCGTTGTGAGGAGCTCTGCGTCCTGTGGG

35

3430

3450

3470

GAGCACCCcTTCAGTGCCcGTGCGGCACAGAGAAGCAGGGCCcACCTGAAAGTGCGCCGA

40

3490

3510

3530

GACCTCGGGACGGAGGGGATGGGGAGGGGGACACAGTCGTGGCTTGTGCAGCCCGCCAGT

45

3550

3570

3590

GTCAGCGAAcTGCTCACTCAGGCAAGCTCTGTCTCCCTGGACACCcGTCAGCCCCACAGGA

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/5
Int. Code: pl247-14.1.1.1, complete sequence

Länge: 5438 bp
Typ: DNA + Aminosäure

p1247-14.1.1.1, cont.

10 3610 3630 3650
ACCGAGCTGGGAAGTGTTCCTTGCTGTGGTTGTGATTTTTTAATTGCAACACCTCTCATTCT

15 3670 3690 3710
TGTCACCTCTATATACGTGATGTAGAAAAATGGAAAACAGAAAAATGGGAAGGAAAT

20 3730 3750 3770
GTTACATAACTTTAAAAAATCAAACCTGTGAAAGAAAGATGTCAGCTTTTGGCACGTG

25 3790 3810 3830
TCTTTGTGGCTTATGCGAGGAGACTCCCTGTGCAGCCCTGTCCGGTCCAGGTGGACGTAG

30 3850 3870 3890
ATGGCCCCCTGGCTCTGCTGCTCTTGACCAAGTGCCTGACCGCCAGGCCCTCACACCCAGG

35 3910 3930 3950
CTCCTGGGCACTGTGGTGTGAGGCGAGGCCTCGGGATCCATCACCGCAGGATGTTGTGAA

40 3970 3990 4010
AAGTACTCGCGATGGCAGCCAGGTAGCAAGCCCTTGCCAGTGGAGAGCACTGGATGTCAT

45 4030 4050 4070
GGTGGCAAACAAGGCAGCCATTTGCTGTCTCTCCACGAGTGGAAGGGGTTCCAAGG

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/5

Int. Code: pl247-14.1.1.1, complete sequence

Länge: 5438 bp

Typ: DNA + Aminosäure

p1247-14.1.1.1, cont.

10

4090

4110

4130

AAGCCACAGGGCAGCTGACCACGTGCTTGTGTGAGGCATTTTCAGTCTGTTCTGCATATG

15

4150

4170

4190

ATTCTCAGGGCACACTCTGTGGTATGTGAAATAGGTTTCCTTCCACATACAGCAGAAGAG

20

4210

4230

4250

AGGCAAAGGCTGGTAGGAAGGAGGAAGACATTGGCTGGGGGCTTGGATGTGGGGCCGTC

25

4270

4290

4310

GGGCAGGAGGGAGGAaGCCCCAGCTGGAATGAACTCAGAGCAAGTGACCGAGGGAGGAC

30

4330

4350

4370

ACGGCTCCTGCCACTGAGGCCGGGCACCTGATGCCCAGCACTGTCCTGGCGCCAGACACA

35

4390

4410

4430

GGGAGCAGGCAGTCAAGTGAGGTCTGACCCCCATGGCCACgCTCAGGAGAGAAAGACCAT

40

4450

4470

4490

GCTCAGGACACTGTCCAAGGTGCACAAGATGCTGGGAGGTcCcTTGTTTGGTGAAGAAAG

45

4510

4530

4550

GGAGCATTTAGAGCAGTTGATGGTGGTGTGTCCTCCGTGTTCTGAAATTCAGATGATCT

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/5

Int. Code: p1247-14.1.1.1, complete sequence

Länge: 5438 bp

Typ: DNA + Aminosäure

p1247-14.1.1.1, cont.

10

4570

4590

4610

GTGTTGGATT TTTTGgCTTCTACCCCATgATTCTCCTCAAAGAAAttGTGTGTGATGTGTG

15

4630

4650

4670

TGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTCTGTGTCTACAGGAGATGCAGTGCCTGTACAGGTGTGTTC

20

4690

4710

4730

AGTGTGTGgATGTCATTAACCCATAGGGCTATGCAACAAAAGACACATTTAATAGAAGTA

25

4750

4770

4790

AAACACACAAGACCGCTGCCTGGTCTCGGGGTTTCAGCATGATTGTGACCAACCTTTTTTA

30

4810

4830

4850

TAGAATTTCTTTACCTGAAGGCACAACACTCTGAACTTTAAAGATAACAGAGTATTTTA

35

4870

4890

4910

TTCCAATAGaATAAACCAGGAATCTCGgACTGTGCATGTGATCACTGTGCTCCTGTTGCA

40

4930

4950

4970

AAGtAGAAGGATGTGTATTTTGACACTGACGTTTTGTCTCTTGTTCCTCCAGCCCCAGCC

45

4990

5010

5030

CATGTTATCTTGGGTGTCGAATGTGTCCATTCCATGCAGAACCACAGCCATTTCCCCAGG

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/5
Int. Code: p1247-14.1.1.1, complete sequence

5 Länge: 5438 bp
Typ: DNA + Aminosäure

p1247-14.1.1.1, cont.

10

5050

5070

5090

CAGTGTGGGTGCGAGAATCCACTTTTCTAAACCCACACAGCCTAGCTGGCTTGTCTAGAC

15

5110

5130

5150

TCTTCTAGGCATTGGAATTGATGAAACTACAGGGAGCGGGgAAAGGAGACATTATGTCT

20

5170

5190

5210

TGTTTCCTGACTTTGGGTTTTGTTTTCTCACTGTGTCTTCTCCGGCTATCATATATGTCCC

25

5230

5250

5270

CTGAATCTCATAGTGAGCTGCCAAATTTGAAGTGCATCACCCAGTTGTCTGCATCTGGAA

30

5290

5310

5330

CCAGTCAAGCAGTGGCTGTAGTTTGAACAAGTTATGTGTGCATGTAACATATATACATAT

35

5350

5370

5390

ATACATATATACAAGTATGTGCATGATAATGTATATCTTCGTACTTTTTGATACAATGTA

40

5410

5430

TTCATTGTTAATTTTAAATTATATTTGATATAAATC

45

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/6
 Int. Code: pR9112-4.1.1.1 entire clone
 Länge: 1.722 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 50
 GAACGCAGAGGAAACTCCCGCATCTCCATCACCTTCTTCGCGCTGTTCCGGGTCATGCGT
 10 AsnAlaGluGluAsnSerArgIleSerIleThrPhePheArgLeuPheArgValMetArg
 70 90 110
 CTGGTGAAGCTGCTGAGCCGTNNNGAGGGCATCCGGACGCTGCTGTGGACCTTCATCAAG
 15 LeuValLysLeuLeuSerArgXxxGluGlyIleArgThrLeuLeuTrpThrPheIleLys
 130 150 170
 TCCTTCCAGGCCCTGCCCTATgTGGCCCTCCTGATCGTGATGCTGTTCTTCATCTACgCG
 20 SerPheGlnAlaLeuProTyrValAlaLeuLeuIleValMetLeuPhePheIleTyrAla
 190 210 230
 GTGATCGGGATGCAGGTGTTTGGGAAAATTGCCCTGAATGATACCACAGAGATCAACCGG
 30 ValIleGlyMetGlnValPheGlyLysIleAlaLeuAsnAspThrThrGluIleAsnArg
 250 270 290
 AACAACTTTTCAGACCTTccCCCAGGCCGTGCTGCTCCTCTTCAGGTGTGCCACCGG
 35 AsnAsnAsnPheGlnThrPheProGlnAlaValLeuLeuLeuPheArgCysAlaThrGly
 310 330 350
 GAGGCCCTGGCAGGACATCATGCTGGCCTGCATGCCAGGCAAGAAGTGTgcccCAGAGTCC
 40 GluAlaTrpGlnAspIleMetLeuAlaCysMetProGlyLysLysCysAlaProGluSer
 370 390 410
 GAGCCCAGCAACAGCACGGAGGGTGAAACACCCTGTGGTAGCAGCTTTGCTGTCTTCTAC
 50 GluProSerAsnSerThrGluGlyGluThrProCysGlySerSerPheAlaValPheTyr
 55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/6
 Int. Code: pR9112-4.1.1.1 entire clone
 Länge: 1.722 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

430 450 470
 TTCATCAGCTTCTACATGCTCTGTGCCTTCCTGATCATCAACCTCTTTGTAGCTGTCATC
 PheIleSerPheTyrMetLeuCysAlaPheLeuIleIleAsnLeuPheValAlaValIle

490 510 530
 ATGGACAACCTTTGACTACCTGACAAGGGACTGGTCCATCCTTGGTCCCCACCACCTGGAT
 MetAspAsnPheAspTyrLeuThrArgAspTrpSerIleLeuGlyProHisHisLeuAsp

550 570 590
 GAGTTTAAAAGAATCTGGGCAGAGTATGACCCTGAAGCCAAGGGTCGTATCAAACACCTG
 GluPheLysArgIleTrpAlaGluTyrAspProGluAlaLysGlyArgIleLysHisLeu

610 630 650
 GATGTGGTGACCCCTCCTCCGCGAATTCAGCCGCCACTAGGTTTTGGGAAGCTGTGCCCT
 AspValValThrLeuLeuArgArgIleGlnProProLeuGlyPheGlyLysLeuCysPro

670 690 710
 CACCGCGTGGCTTGCAAACGCCTGGTCTCCATGAACATGCCTCTGAACAGCGACGGGACA
 HisArgValAlaCysLysArgLeuValSerMetAsnMetProLeuAsnSerAspGlyThr

730 750 770
 GTCATGTTCAATGCCACCCTGTTTGCCCTGGTCAGGACGGCCCTGAGGATCAAAACAGAA
 ValMetPheAsnAlaThrLeuPheAlaLeuValArgThrAlaLeuArgIleLysThrGlu

790 810 830
 GGGAACCTAGAACAAGCCAATGAGGAGCTGCGGGCGATCATCAAGAAGATCTGGAAGCGG
 GlyAsnLeuGluGlnAlaAsnGluGluLeuArgAlaIleIleLysLysIleTrpLysArg

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/6
 Int. Code: pR9112-4.1.1.1 entire clone
 Länge: 1.722 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5
 850 870 890
 ACCAGCAtgAAGCTGCTGGACCAGGTGGTgCCCCCTGCAGGTGATGATGAGGTCACCGTT
 10
 ThrSerMetLysLeuLeuAspGlnValValProProAlaGlyAspAspGluValThrVal
 910 930 950
 15
 GGCAAGTTCTACGCCACGTTCTTGATCCAGGAGTACTTCCGGAAGTTCAAGAAGCGCAAA
 GlyLysPheTyrAlaThrPheLeuIleGlnGluTyrPheArgLysPheLysLysArgLys
 20
 970 990 1010
 GAGCAGGGCCTTGTGGgcAAGCCCTCCCAGAGGAACGCGCTGTCTCTGCAGGCTGGcTTG
 GluGlnGlyLeuValGlyLysProSerGlnArgAsnAlaLeuSerLeuGlnAlaGlyLeu
 25
 1030 1050 1070
 CGCACACTGCATGACATCGGGCCTGAGATCCGACGGGCCATCTCTGGAGATCTCACCgCT
 30
 ArgThrLeuHisAspIleGlyProGluIleArgArgAlaIleSerGlyAspLeuThrAla
 1090 1110 1130
 35
 GAGGAGGAGCTGGACAAGGCCATGAAGGAGGCTGTGTCCGCTGCTTCTGAAGATGACATC
 GluGluGluLeuAspLysAlaMetLysGluAlaValSerAlaAlaSerGluAspAspIle
 40
 1150 1170 1190
 TTCAGGAGGGCCGGTggccTGTTCGGCAACCACGTCAGcTACTACCAAAGCgACGGCCCGG
 PheArgArgAlaGlyGlyLeuPheGlyAsnHisValSerTyrTyrGlnSerAspGlyArg
 45
 1210 1230 1250
 ANNGCCTTcCCCAGACCTTCACCACTCAGNGCCCGCTGCACATCAACAAGGCGGGCAGC
 50
 XxxAlaPheProGlnThrPheThrThrGlnXxxProLeuHisIleAsnLysAlaGlySer
 55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/6
 Int. Code: pR9112-4.1.1.1 entire clone
 Länge: 1.722 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

1270 1290 1310
 AGCCAGGGCGACACTGAGTCGCNATCCACGAGAAGCTGGTGGACTCCACCTTCACCCCG
 10 SerGlnGlyAspThrGluSerXxxSerHisGluLysLeuValAspSerThrPheThrPro

1330 1350 1370
 AGCAGCTACTCGTCCACCGGCTCCAACGCCAACATCAACAACGCCAACACACCGCCCTG
 15 SerSerTyrSerSerThrGlySerAsnAlaAsnIleAsnAsnAlaAsnAsnThrAlaLeu

1390 1410 1430
 GGTGCCTCCCTCNCNCCGCCGGCTACCCAGCACAGTCAGCACTGTGGAGcCACGGGCC
 20 GlyArgLeuProXxxXxxAlaGlyTyrProSerThrValSerThrValGluProArgAla

1450 1470 1490
 CCCCTTGTCCTCCATCCGGGTGCAGGAGGTGGNGTGGAAGCTcAGCTCCAACAGGTG
 30 ProLeuValProCysHisProGlyAlaGlyGlyGlyValGluAlaGlnLeuGlnGlnVal

1510 1530 1550
 CCACTCCCGGGAGAGCCAGGCAGCCATGGCGGGTCAGGAGGAGACGTCTCAGGATGAGAC
 35 ProLeuProGlyGluProGlySerHisGlyGlySerGlyGlyAspValSerGly *

1570 1590 1610
 CTATGAAGTGAAGATGAACCATGACACGGAGGCCTGCAGTGAGCCCAGCCTGCTCTCCAC
 40

1630 1650 1670
 AGAGATGCTCTCCTACCAGGATGACGAAAATCGGCAACTGACGCTCCCAGAGGAGGACAA
 45

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/6
Int. Code: pR9112-4.1.1.1 entire clone
Länge: 1.722 bp
Typ: DNA + Aminosäure

5

1690

1710

10

GAGGGACATCCGGCAATCTCCGAAGAGGGGTTTCCTCCGCT

15

20

25

30

35

40

45

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/7
 Int. Code: pR9112-10.1.1.1. entire clone
 Länge: 2.049 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

10 30 50
 GAGAACAGCAAGTTTGACTTTGACAATGTTCTGGCAGCCATGATGGCCCTCTTCACCGTC
 GluAsnSerLysPheAspPheAspAsnValLeuAlaAlaMetMetAlaLeuPheThrVal

70 90 110
 TCCACCTTCGAAGGGTGGCCAGAGCTGCTGTACCGCTCCATCGACTCCCACACGGAAGAC
 SerThrPheGluGlyTrpProGluLeuLeuTyrArgSerIleAspSerHisThrGluAsp

130 150 170
 AAGGgcCCCATCTACAACCTACCGTGTGGAGATCTCCATCTTCTTCATCATCTACATCATC
 LysGlyProIleTyrAsnTyrArgValGluIleSerIlePhePheIleIleTyrIleIle

190 210 230
 ATCATCGCCTTCTTCATGATGAACATCTTCGTGGGCTTCGTCATCGTCACCTTTCAGGAG
 IleIleAlaPhePheMetMetAsnIlePheValGlyPheValIleValThrPheGlnGlu

250 270 290
 CAGGGGGAGCAGGAGTACAAGAAGTGTGAGCTGGACAAGAACCAGCGACAGTGCGTGGAA
 GlnGlyGluGlnGluTyrLysAsnCysGluLeuAspLysAsnGlnArgGlnCysValGlu

310 330 350
 TACGCCCTCAAGGCCCGGCCCTGCGGAGGTACATcCCCAAGAACCAGCACCAGTACAAA
 TyrAlaLeuLysAlaArgProLeuArgArgTyrIleProLysAsnGlnHisGlnTyrLys

370 390 410
 GTGTGGTACGTGGTCAACTCCACCTACTTCGAGTACCTGATGTTTCGTCCCTCATCCTGCTC
 ValTrpTyrValValAsnSerThrTyrPheGluTyrLeuMetPheValLeuIleLeuLeu

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/7
 Int. Code: pR9112-10.1.1.1. entire clone
 Länge: 2.049 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

430 450 470
 AACACCATCTGCCTGGCCATGCAGCACTACGGCCAGAGCTGCCTGTTCAAAATCGCCATG
 AsnThrIleCysLeuAlaMetGlnHisTyrGlyGlnSerCysLeuPheLysIleAlaMet

490 510 530
 AACATCCTCAACATGCTCTTCACTGGCCTCTTACCCTGGAGATGATCCTGAAGCTCATT
 AsnIleLeuAsnMetLeuPheThrGlyLeuPheThrValGluMetIleLeuLysLeuIle

550 570 590
 GCCTTCAAACCCAAGCACTATTTCTGTGATGCATGGAATACATTTGACGCCTTGATTGTT
 AlaPheLysProLysHisTyrPheCysAspAlaTrpAsnThrPheAspAlaLeuIleVal

610 630 650
 GTGGGTAGCATTGTTGATATAGCAATCACCGAGGTAAACCCAGCTGAACATACCCAATGC
 ValGlySerIleValAspIleAlaIleThrGluValAsnProAlaGluHisThrGlnCys

670 690 710
 TCTCCCTCTATGAACgcAGAGGAAACTCCCGCATCTCCATCACCTTCTTCCGCCTGTTC
 SerProSerMetAsnAlaGluGluAsnSerArgIleSerIleThrPhePheArgLeuPhe

730 750 770
 CGGGTCATGCGTCTGGTGAAGCTGCTGAGCCGTGGGGAGGGCATCCGGACGCTGCTGTGG
 ArgValMetArgLeuValLysLeuLeuSerArgGlyGluGlyIleArgThrLeuLeuTrp

790 810 830
 ACC TTCATCAAGTCCTTCCAGGCCCTGCCCTATGTGGCCCTCCTGATCGTGATGCTGTTC
 ThrPheIleLysSerPheGlnAlaLeuProTyrValAlaLeuLeuIleValMetLeuPhe

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/7
 Int. Code: pR9112-10.1.1.1. entire clone
 Länge: 2.049 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

850 870 890
 10 TTCATCTACGCGGtGATCGGGATGCAGGTGTTTGGGAAAATTGCCCTGAATGatACCACA
 PheIleTyrAlaValIleGlyMetGlnValPheGlyLysIleAlaLeuAsnAspThrThr

910 930 950
 15 GAGatcAACCGGAACAACAACCTTTCAGACCTtcccccAGGCCGTGCTGCTCCTCTTCAGG
 GluIleAsnArgAsnAsnAsnPheGlnThrPheProGlnAlaValLeuLeuLeuPheArg

970 990 1010
 20 TGTGCCACCGGGGAGGCCTGGCAGGACATCATGCTGGCCTGCATGCCAGGCAAGAAGTGT
 25 CysAlaThrGlyGluAlaTrpGlnAspIleMetLeuAlaCysMetProGlyLysLysCys

1030 1050 1070
 30 gcCCCAGAGTCCGAGCCCAGCAACAGCACGGAGGGTGAAACACCCTGTGGTAGCAGCTTT
 AlaProGluSerGluProSerAsnSerThrGluGlyGluThrProCysGlySerSerPhe

1090 1110 1130
 35 GCTGTCTTCTACTTCATCAGCTTCTACATGCTCTGTGCCTTCCTGATCATCAACCTCTTT
 AlaValPheTyrPheIleSerPheTyrMetLeuCysAlaPheLeuIleIleAsnLeuPhe

1150 1170 1190
 40 GTAGCTGTCATCATGGACAACCTTGACTACCTGACAAGGGACTGGTCCAATCCTTGGTCCC
 45 ValAlaValIleMetAspAsnPheAspTyrLeuThrArgAspTrpSerIleLeuGlyPro

1210 1230 1250
 50 CACCACCTGGATGAGTTTAAAGAATCTGGGCAGAGTATGACCCTGAAGCCAAGGGTCGT
 HisHisLeuAspGluPheLysArgIleTrpAlaGluTyrAspProGluAlaLysGlyArg

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/7
 Int. Code: pR9112-10.1.1.1. entire clone
 Länge: 2.049 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

1270 1290 1310
 ATCAAACACCTGGATGTGGTGACCCTCCTCCGGCGGATTGAGCCGCCACTAGGTTTTgGG
 IleLysHisLeuAspValValThrLeuLeuArgArgIleGlnProProLeuGlyPheGly

1330 1350 1370
 AAGCTGTGCCCTCACCGCGTGGCTTGCAAACGCCTGGTCTCCATGAACATGCCTCTGAAC
 LysLeuCysProHisArgValAlaCysLysArgLeuValSerMetAsnMetProLeuAsn

1390 1410 1430
 AGCGACGGGACAGTCATGTTCAATGCCACCCTGTTTGCCCTGGTCAGGACGGCCCTGAGG
 SerAspGlyThrValMetPheAsnAlaThrLeuPheAlaLeuValArgThrAlaLeuArg

1450 1470 1490
 ATCAAACAGAAGAGGGACCCANCCCATCAGAGGCCACCAAGGGgCTGAGGATCCTTTC
 IleLysThrGluGluGlyProXxxProSerGluAlaHisGlnGlyAlaGluAspProPhe

1510 1530 1550
 CGCCCAGCAGGGAACCTAGAACCAAGCCAATGAGGAGCTGCGGGCGATCATCAAGAAGATC
 ArgProAlaGlyAsnLeuGluGlnAlaAsnGluGluLeuArgAlaIleIleLysLysIle

1570 1590 1610
 TGGAAGCGgACCAGCATGAAGCTGCTGGACCAGGTGGTGCCCCCTGCAGGTGATGATGAG
 TrpLysArgThrSerMetLysLeuLeuAspGlnValValProProAlaGlyAspAspGlu

1630 1650 1670
 GTCACCGTTGGCAAGTTCTACGCCACGTTCTGATCCAGGAGTACTTCCGGAAGTTCAAG
 ValThrValGlyLysPheTyrAlaThrPheLeuIleGlnGluTyrPheArgLysPheLys

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/7
 Int. Code: pR9112-10.1.1.1. entire clone
 Länge: 2.049 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

1690 1710 1730
 AAGCGCAAAGAGCAGGGCCTTGTGGGCAAGCCCTCCCAGAGGAACGCGCTGTCTCTGCAG
 10 LysArgLysGluGlnGlyLeuValGlyLysProSerGlnArgAsnAlaLeuSerLeuGln

1730 1770 1790
 GCTGGCTTGCGCACACTGCATGACATCGGGCCTGAGATCCGACGGGccATCTCTGGAGAT
 15 AlaGlyLeuArgThrLeuHisAspIleGlyProGluIleArgArgAlaIleSerGlyAsp

1810 1830 1850
 CTCACCGcTGAGGAGGAGCTGGACAAGGCCATGAAGGAGGCTGTGTCCGCTGCTTCTGAA
 20 LeuThrAlaGluGluGluLeuAspLysAlaMetLysGluAlaValSerAlaAlaSerGlu

1870 1890 1910
 GATGACATCTTCAGGAGggcCGGTGGCCTGTTCGGCAACCACGTCAGCTACTACCAAAGC
 25 AspAspIlePheArgArgAlaGlyGlyLeuPheGlyAsnHisValSerTyrTyrGlnSer

1930 1950 1970
 GACGGCCGGAGCGCCTTCCNNNAGACCTTCACCACTCAGCGCCCGCTGCACATCAACAAG
 30 AspGlyArgSerAlaPheXxxXxxThrPheThrThrGlnArgProLeuHisIleAsnLys

1990 2010 2030
 GCGGGCAGCAGCCAGGGCGACACTGAGTCGCCATCCCACGAGAAGCTGGTGGACTCCACC
 35 AlaGlySerSerGlnGlyAspThrGluSerProSerHisGluLysLeuValAspSerThr

2050
 TTCACCCCGA
 40 PheThrPro

45
 50
 55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/8
Int. Code: pR9112-12.1.1.1. entire clone
Länge: 997 bp
Typ: DNA + Aminosäure

10 30 50
GAACATCGTGTTCACATCCATGTTCTCCATGGAATGCGTGCTgAAGATCATCGCCTTTGGG
AsnIleValPheThrSerMetPheSerMetGluCysValLeuLysIleIleAlaPheGly

70 90 110
GTGctgaaCTATTTcAGAgATGCCTGNANtGTctTTAACNNNGTCACTgTGTTGGGAAGT
ValLeuAsnTyrPheArgAspAlaXxxXxxValPheAsnXxxValThrValLeuGlySer

130 150 170
ATTANTGATATTTTAGTAACAGAGATTGCGAANAATTTcATCAACCTcAGNTTNCTCcGC
IleXxxAspIleLeuValThrGluIleAlaXxxAsnPheIleAsnLeuXxxXxxLeuArg

190 210 230
NTCTTTcGAgTGNGNGGCTGATCAAGNTcgTCCGNCAGGGCTACACCATCCGCATCCTG
XxxPheArgArgXxxXxxLeuIleLysXxxValArgGlnGlyTyrThrIleArgIleLeu

250 270 290
CTGTGGACCTTTGTCCAGTcCTTCAAGGcCCTGCCCTACGTGTGTCTGcTCATTGCCATG
LeuTrpThrPheValGlnSerPheLysAlaLeuProTyrValCysLeuLeuIleAlaMet

310 330 350
CTGTTCTTcATCTACGCCATCATCGGCAtGCAGGTGTTtGGGAATATTGCCCTGGATGAT
LeuPhePheIleTyrAlaIleIleGlyMetGlnValPheGlyAsnIleAlaLeuAspAsp

370 390 410
GACACCAGcATCAACCgCCACAACAActTCCGGACGTTTTTGCAAGCCcTGATGCTGCTG
AspThrSerIleAsnArgHisAsnAsnPheArgThrPheLeuGlnAlaLeuMetLeuLeu

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/8
 Int. Code: pR9112-12.1.1.1. entire clone
 Länge: 997 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

430 450 470
 TTCAGGAGCGCCACgGGGGAGGCCTGGCAGAGATCATGCTGTCCTGCCTGAGCAACCAG
 PheArgSerAlaThrGlyGluAlaTrpHisGluIleMetLeuSerCysLeuSerAsnGln

490 510 530
 GCCTGTGATGAGCAGGCCAATGCCACCGAGTGTGGAAGTGACTTTGCCTACTTCTACTTC
 AlaCysAspGluGlnAlaAsnAlaThrGluCysGlySerAspPheAlaTyrPheTyrPhe

550 570 590
 GTCTCCTTCATCTTCCTGTGCTCCTTTCTGATGTTGAACCTCTTTGTGGCTGTGATCATG
 ValSerPheIlePheLeuCysSerPheLeuMetLeuAsnLeuPheValAlaValIleMet

610 630 650
 GACAATTTTGAGTACCTCACGCGGGACTCTTCCATCCTAGGTCCTCACCCTTGGATGAG
 AspAsnPheGluTyrLeuThrArgAspSerSerIleLeuGlyProHisHisLeuAspGlu

670 690 710
 TTCATCCGGGTCTGGGCTGAATACGACCCGGCTGCGTGTGGGCGCATCAGTTACAATGAC
 PheIleArgValTrpAlaGluTyrAspProAlaAlaCysGlyArgIleSerTyrAsnAsp

730 750 770
 ATGTTTGAGATGCTGAAACACATGTCCCCGCCTCTGGGGCTGGGGAAGAAATGCCCTGCT
 MetPheGluMetLeuLysHisMetSerProProLeuGlyLeuGlyLysLysCysProAla

790 810 830
 CGAGTTGCTTACAAGCGCCTGGTTCGCAATGAACATGCCCATCTCCAACGAGGACATGACT
 ArgValAlaTyrLysArgLeuValArgMetAsnMetProIleSerAsnGluAspMetThr

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/8
Int. Code: pR9112-12.1.1.1. entire clone
Länge: 997 bp
Typ: DNA + Aminosäure

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

850

870

890

GTTCACTTCACGTCCACGCTGATGGCCCTCATCCGGACGGCACTGGAGATCAAGCTGGCC
ValHisPheThrSerThrLeuMetAlaLeuIleArgThrAlaLeuGluIleLysLeuAla

910

930

950

CCAGCTGGGACAAAGCAGCATCAGTGTGACGCGGAGTTGAGGAAGGAGATTTCCGTTGTG
ProAlaGlyThrLysGlnHisGlnCysAspAlaGluLeuArgLysGluIleSerValVal

970

990

TGGGCCAATCTGCCCCAGAAGACTTTGGACTTGCTG
TrpAlaAsnLeuProGlnLysThrLeuAspLeuLeu

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/9
 Int. Code: pR9112-2.1.1.1. entire clone
 Länge: 1.471 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

10 30 50
 CCTCTATGAACGCAGAGGAAACTCCCGCATCTCCATCACCTTCTCCGCCTGTTCCGGGTC
 SerMetAsnAlaGluGluAsnSerArgIleSerIleThrPhePheArgLeuPheArgVal

70 90 110
 ATGCGTCTGGTGAAGCTGCTGAGCCGTGGGGAGGGCATCCGGACGCTGCTGTGGACCTTC
 MetArgLeuValLysLeuLeuSerArgGlyGluGlyIleArgThrLeuLeuTrpThrPhe

130 150 170
 ATCAAGTCTTCCAGGCCCTGCCCTATGTGGCCCTCCTGATCGTGATGCTGTTCTTCATC
 IleLysSerPheGlnAlaLeuProTyrValAlaLeuLeuIleValMetLeuPhePheIle

190 210 230
 TACGCGGTGATCGGGATGCAGGTGTTTGGGAAAATTNCCCTGAATGATACCACAGAGATC
 TyrAlaValIleGlyMetGlnValPheGlyLysIleXxxLeuAsnAspThrThrGluIle

250 270 290
 AACCGGAACAACAACCTTTCAGACCTTCCCCAGGCCGTGCTGCTCCTCTTCAGGTGTGCC
 AsnArgAsnAsnAsnPheGlnThrPheProGlnAlaValLeuLeuLeuPheArgCysAla

310 330 350
 ACCGGGGAGGCCTGGCAGGACATCATGCTGGCCTGCATGCCAGGCAAGAAGTGTgcCCCA
 ThrGlyGluAlaTrpGlnAspIleMetLeuAlaCysMetProGlyLysLysCysAlaPro

370 390 410
 GAGTCCGAGCCCAGCAACAGCACGGAGGGTGAAACACCCTGTGGTAGCAGCTTTGCTGTC
 GluSerGluProSerAsnSerThrGluGlyGluThrProCysGlySerSerPheAlaVal

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/9
 Int. Code: pR9112-2.1.1.1. entire clone
 Länge: 1.471 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

430 450 470
 10 TTCTACTTCATCAGCTTCTACATGCTCTGTGCCTTCCTGATCATCAACCTCTTTGTAGCT
 PheTyrPheIleSerPheTyrMetLeuCysAlaPheLeuIleIleAsnLeuPheValAla

490 510 530
 15 GTCATCATGGACAACCTTTGACTACCTGACAAGGGACTGGTCCATCCTTGGTCCCCACCAC
 ValIleMetAspAsnPheAspTyrLeuThrArgAspTrpSerIleLeuGlyProHisHis

550 570 590
 20 CTGGATGAGTTTAAAGAATCTGGGCAGAGTATGACCCTGAAGCCAAGGGTCGTATCAAA
 25 LeuAspGluPheLysArgIleTrpAlaGluTyrAspProGluAlaLysGlyArgIleLys

610 630 650
 30 CACCTGGATGTGGTGACCCTCCTCCGGCGGATTGAGCCGCCACTAGGTTTtGGAAGCTG
 HisLeuAspValValThrLeuLeuArgArgIleGlnProProLeuGlyPheGlyLysLeu

670 690 710
 35 TGCCCTCACCGCGTGGCTTGCAAACGCCTGGTCTCCATGAACATGCCTCTGAACAGCGAC
 CysProHisArgValAlaCysLysArgLeuValSerMetAsnMetProLeuAsnSerAsp

730 750 770
 40 GGGACAGTCATGTTCAATGCCACCCTGTTTGCCCTGGTCAGGACGGCCCTGAGGATCAAA
 45 GlyThrValMetPheAsnAlaThrLeuPheAlaLeuValArgThrAlaLeuArgIleLys

790 810 830
 50 ACAGAAGGGAAACCTAGAACCAAGCCAATGAGGAGCTGCGGGCGATCATCAAGAAGATCTGG
 ThrGluGlyAsnLeuGluGlnAlaAsnGluGluLeuArgAlaIleIleLysLysIleTrp

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/9
 Int. Code: pR9112-2.1.1.1. entire clone
 Länge: 1.471 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

850 870 890
 10 AAGCGGACCAGCATgAAGCTGCTGGACCAGGTGGTGCCCCCTGCAGGTGATGATGAGGTC
 LysArgThrSerMetLysLeuLeuAspGlnValValProProAlaGlyAspAspGluVal

910 930 950
 15 ACCGTTGGCAAGTTCTACGCCACGTTCTGATCCAGGAGTACTTCCGGAAGTTCAAGAAG
 ThrValGlyLysPheTyrAlaThrPheLeuIleGlnGluTyrPheArgLysPheLysLys

970 990 1010
 20 CGCAAAGAGCAGGGCCTTGTGGgcAAGCCCTCCCAGAGGAACGCGCTGTCTCTGCAGGCT
 ArgLysGluGlnGlyLeuValGlyLysProSerGlnArgAsnAlaLeuSerLeuGlnAla

1030 1050 1070
 30 GGcTTGCGCACACTGCATGACATCGGGCCTGAGATCCGACGGGCCATCTCTGGAGATCTC
 GlyLeuArgThrLeuHisAspIleGlyProGluIleArgArgAlaIleSerGlyAspLeu

1090 1110 1130
 35 ACCGCTGAGGAGGAGCTGGACAAGGCCATGAAGGAGGCTGTGTCCGCTGCTTCTGAAGAT
 ThrAlaGluGluGluLeuAspLysAlaMetLysGluAlaValSerAlaAlaSerGluAsp

1150 1170 1190
 40 GACATCTTCAGGAGGGCCGGTggcctGTTCGGCAACCACGTCAGCTACTACCAAAGCGAC
 AspIlePheArgArgAlaGlyGlyLeuPheGlyAsnHisValSerTyrTyrGlnSerAsp

1210 1230 1250
 50 GGCCGGANNGCCTTCcCCcAGACCTTCACCACTCAGCNCCCGCTGCACATCAACAAGGCg
 GlyArgXxxAlaPheProGlnThrPheThrThrGlnXxxProLeuHisIleAsnLysAla

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/9
Int. Code: pR9112-2.1.1.1. entire clone
Länge: 1.471 bp
Typ: DNA + Aminosäure

5

1270

1290

1310

10

GGCAGCAGCCAGGGCGACACTGAGTCGCCATCCCACGAGAAGCTGGTGGACTCCACCTTC
GlySerSerGlnGlyAspThrGluSerProSerHisGluLysLeuValAspSerThrPhe

15

1330

1350

1370

ACCCCGAGCAGCTACTCGTCCACCGGCTCCAACGCCAACATCAACAACGCCAACACACC
ThrProSerSerTyrSerSerThrGlySerAsnAlaAsnIleAsnAsnAlaAsnAsnThr

20

1390

1410

1430

GCCCTGGGTCGCCTCCCTCNCCCCGCCGGCTACCCACGACAGTCAGCACTGTGGAGcCA
AlaLeuGlyArgLeuProXxxProAlaGlyTyrProSerThrValSerThrValGluPro

25

1450

1470

CGGGCCCCCCTTGTCCTGCCATCCGGG
ArgAlaProLeuValProCysHisPro

30

35

40

45

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/10
 Int. Code: pRR5-8 entire clone
 Länge: 2.655 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

490 510 530
 CAAGAAGCTCATCGATTGGCCGCCATTTGAGTACATGATCCTGGCCACCATCATTGCCAA
 aLysLysLeuIleAspTrpProProPheGluTyrMetIleLeuAlaThrIleIleAlaAs

550 570 590
 CTGCATCGTCCTGGCCCTGGAGCAGCATCTTCCTGAGGATGACAAGACCCCATGTCCcG
 nCysIleValLeuAlaLeuGluGlnHisLeuProGluAspAspLysThrProMetSerAr

610 630 650
 AAGACTGGAGAAGACAGAACCTTATTTTCATTGGGATCTTTTGCTTTGAAGCTGGGATCAA
 gArgLeuGluLysThrGluProTyrPheIleGlyIlePheCysPheGluAlaGlyIleLy

670 690 710
 AATTGTGGCCCTGGGGTTCATCTTCCATAAGGGCTCTTACCTCCGCAATGGCTGGAATGT
 sIleValAlaLeuGlyPheIlePheHisLysGlySerTyrLeuArgAsnGlyTrpAsnVa

730 750 770
 CATGGACTTCATCGTGGTcCTCagTgGCATCCTGGCCACTGCAGGAACCCACTTCAATAC
 lMetAspPheIleValValLeuSerGlyIleLeuAlaThrAlaGlyThrHisPheAsnTh

790 810 830
 TCACGTGGACCTGAGGACCCTCCGGGCTGTGCGTGTCCCTGCGGCCTTTGAAGCTCGTGTc
 rHisValAspLeuArgThrLeuArgAlaValArgValLeuArgProLeuLysLeuValSe

850 870 890
 AGGGATACcTAGCCTGCAGATTGTGTTGAAGTCCATCATGAAGGCCATGGTACCTCTTCT
 rGlyIleProSerLeuGlnIleValLeuLysSerIleMetLysAlaMetValProLeuLe

910 930 950
 GCAGATTGGCCTTCTgCTCtTCTTTgCCATCCTGATGTTTgCTATCATTGGTTTGGAGTT
 uGlnIleGlyLeuLeuLeuPhePheAlaIleLeuMetPheAlaIleIleGlyLeuGluPh

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/10
 Int. Code: pRR5-8
 Länge: 2.655 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

970 990 1010
 CTACAGTGGCAAGTTACATCGAGCATGCTTCATGAACAATTCAGGTATTCTAGAAGGATT
 eTyrSerGlyLysLeuHisArgAlaCysPheMetAsnAsnSerGlyIleLeuGluGlyPh
 1030 1050 1070
 TGACCCCCCTCACCCATGTGGTGTGCAGGGCTGCCAGCTGGTTATGAATGCAAGGACTG
 eAspProProHisProCysGlyValGlnGlyCysProAlaGlyTyrGluCysLysAspTr
 1090 1110 1130
 GATCGGCCCCAATGATGGGATCACCCAGTTTGATAACATCCTTTTGCTGTGCTGACTGT
 pIleGlyProAsnAspGlyIleThrGlnPheAspAsnIleLeuPheAlaValLeuThrVa
 1150 1170 1190
 CTTCCAGTGCATCACCATGGAAGGGTGGACCACTGTGCTGTACAATACCAATGATGCCTT
 lPheGlnCysIleThrMetGluGlyTrpThrThrValLeuTyrAsnThrAsnAspAlaLe
 1210 1230 1250
 AGGAGCCACCTGGAATTGGCTGTACTTCATCCCCCTCATCATCATTGGATCCTTCTTTGT
 uGlyAlaThrTrpAsnTrpLeuTyrPheIleProLeuIleIleIleGlySerPhePheVa
 1270 1290 1310
 TCTCAACCTAGTCCTGGGAGTGCTTTCCGGGGAATTTGCCAAAGAGAGAGAGAGAGTGG
 lLeuAsnLeuValLeuGlyValLeuSerGlyGluPheAlaLysGluArgGluArgValGl

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/10
 Int. Code: pRR5-8
 Länge: 2.655 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5
 1330 1350 1370
 GAACCGAAGGGCTTTCATgAAGCTGCGGCGCCAGCAGCAGATTGAGCGTGAGCTGAATGG
 10 uAsnArgArgAlaPheMetLysLeuArgArgGlnGlnGlnIleGluArgGluLeuAsnGl
 1390 1410 1430
 15 CTACCGTGCTGGATAGACAAAGCAGAGGAAGTCATGCTCGCTGAAGAAAATAAAAATGC
 yTyrArgAlaTrpIleAspLysAlaGluGluValMetLeuAlaGluGluAsnLysAsnAl
 1450 1470 1490
 20 TGGAACATCCGCCTTAGAAGTGCTTCGAAGGGCAACCATCAAGAGGAGCCGGACAGAGGC
 aGlyThrSerAlaLeuGluValLeuArgArgAlaThrIleLysArgSerArgThrGluAl
 1510 1530 1550
 25 CATGACTCGAGACTCCAGTGATGAGCACTGTGTTGATATCTCCTCTGTGGGCACACCTCT
 aMetThrArgAspSerSerAspGluHisCysValAspIleSerSerValGlyThrProLe
 1570 1590 1610
 30 GGCCCGAGCCAGTATCAAAAGTGCAAAGGTAGACGGGGTCTCTTATTTCCGGCACAAGGA
 uAlaArgAlaSerIleLysSerAlaLysValAspGlyValSerTyrPheArgHisLysGl
 1630 1650 1670
 40 AAGGCTTCTGCGCATCTCCATTCGCCACATGGTTAAATCCAGGTGTTTTACTGGATTGT
 uArgLeuLeuArgIleSerIleArgHisMetValLysSerGlnValPheTyrTrpIleVa
 1690 1710 1730
 45 GCTGAGCCTTGTGGCACTCAACACTGCCTGTGTGGCCATTGTCCATCACACCAGCCCCA
 lLeuSerLeuValAlaLeuAsnThrAlaCysValAlaIleValHisHisAsnGlnProGl
 50
 55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/10
 Int. Code: pRR5-8
 Länge: 2.655 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

1750 1770 1790
 GTGGCTACCCACCTCCTCTACTATGCAGAAATTTCTGTTTCTGGGACTCTTCCTCTTGA
 nTrpLeuThrHisLeuLeuTyrTyrAlaGluPheLeuPheLeuGlyLeuPheLeuLeuGl
 1810 1830 1850
 GATGTCCCTGAAGATGTATGGCATGGGGCCTCGCCTTTATTTTCACTCTTCATTCAACTG
 uMetSerLeuLysMetTyrGlyMetGlyProArgLeuTyrPheHisSerSerPheAsnCy
 1870 1890 1910
 CTTTGATTTTGGGGTCACAGTGGGCAGTATCTTTGAAGTGGTCTGGGCAATCTTCAGACC
 sPheAspPheGlyValThrValGlySerIlePheGluValValTrpAlaIlePheArgPr
 1930 1950 1970
 TGGTACGTCTTTTGAATCAGTGTCTTGCGAGCCCTCCGGCTTCTAAGAATATTTAAAT
 oGlyThrSerPheGlyIleSerValLeuArgAlaLeuArgLeuLeuArgIlePheLysIl
 1990 2010 2030
 AACCAAGTATTGGGCTTCCCTACGGAATTTGGTGGTCTCCTTGATGAGCTCAATGAAGTC
 eThrLysTyrTrpAlaSerLeuArgAsnLeuValValSerLeuMetSerSerMetLysSe
 2050 2070 2090
 TATCATCAGTTTGCTTTTCCCTCCTCTTCCTCTTCATCGTTGTCTTGTCTCCTAGGAAT
 rIleIleSerLeuLeuPheLeuLeuPheLeuPheIleValValPheAlaLeuLeuGlyMe
 2110 2130 2150
 GCAGTTATTGGAGGCAGGTTTAACTTTAATGATGGGACTCCTTCGGCAAATTTTGATAC
 tGlnLeuPheGlyGlyArgPheAsnPheAsnAspGlyThrProSerAlaAsnPheAspTh

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/10

Int. Code: pRR5-8

Länge: 2.655 bp

Typ: DNA + Aminosäure

2170 2190 2210
 10 CTTCCCTGCAGCCATCATGACTGTGTTCCAGATCCTGACGGGTGAGGACTGGAATGAGGT
 rPheProAlaAlaIleMetThrValPheGlnIleLeuThrGlyGluAspTrpAsnGluVa

 2230 2250 2270
 15 GATGTACAAATGGGATCCGCTCCAGGGTGGGGTCAGCTCAGGCATGTGGTCTGCCATCTA
 lMetTyrAsnGlyIleArgSerGlnGlyGlyValSerSerGlyMetTrpSerAlaIleTy

 2290 2310 2330
 20 CTTCAATTGTGCTCACCTTGTTTGGCAACTACACGCTACTGAATGTGTTCTTGGCTATCGC
 rPheIleValLeuThrLeuPheGlyAsnTyrThrLeuLeuAsnValPheLeuAlaIleAl
 25 2350 2370 2390
 TGTGGATAATCTCGCCAACGCCAGGAAGTACCAAGGATGAACAGGAGGAAGAAGAGGC
 30 aValAspAsnLeuAlaAsnAlaGlnGluLeuThrLysAspGluGlnGluGluGluGluAl

 2410 2430 2450
 35 CTTCAACCAGAAACATGCACTGCAGAAGGCCAAGGAGGTACGCCGATGTCTGCACCCAA
 aPheAsnGlnLysHisAlaLeuGlnLysAlaLysGluValSerProMetSerAlaProAs

 2470 2490 2510
 40 CATGCCTTCGATCGAAAGAGACAGAAGGAGAAGACACCACATGTCGATGTGGGAGCCACG
 nMetProSerIleGluArgAspArgArgArgArgHisHisMetSerMetTrpGluProAr

 45

 50

 55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/10
 Int. Code: pRR5-8
 Länge: 2.655 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

2530

2550

2570

CAGCAGCCACCTGAGGGAGCGGAGGCGCCGGCACCACATGTCCGTGTGGGAGCAGCGTAC
 gSerSerHisLeuArgGluArgArgArgArgHisHisMetSerValTrpGluGlnArgTh

2590

2610

2630

CAGCCAGCTGAGGAAGCACATGCAGATGTCCAGCCAGGAGGCCCTCAACAGAGAGGAGGC
 rSerGlnLeuArgLysHisMetGlnMetSerSerGlnGluAlaLeuAsnArgGluGluAl

2650

GCCGACCATGAGCCC
 aFroThrMetSer

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
Länge: 6232 bp
Typ: DNA + Aminosäure

10 30 50
 TCCGCCTCTCGGGTTCAGGCAATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCGAGTAGCTGGGACTATAG
 70 90 110
 GTGCTCACCACCATGCCTGGCTGATTTTTGTATTTTGTAGAGACAGGGTCTCCTCATG
 130 150 170
 TTGGCCAGGTTGGTCTGAAATTCCTGACCTCAGGTGCTCCACCCACCTTGGCCGCCCAA
 190 210 230
 GTCCTGGGATTACAGGCGTGAGTCACTGCACTGGCTTTTTTTTTTTTTTTAAGACAGAGT
 250 270 290
 TTTGCTTATGCGGAGGAGAAGTCCCCTTTGGACGTGCTGAAGAGAGCGGCCACCAAGAAG
 GluGluLysSerProLeuAspValLeuLysArgAlaAlaThrLysLys
 310 330 350
 AGCAGAAATGACCTGATCCACGCAGAGGAGGGAGAGGACCGGTTTGCAGATCTCTGTGCT
 SerArgAsnAspLeuIleHisAlaGluGluGlyGluAspArgPheAlaAspLeuCysAla
 370 390 410
 GTTGGATCCCCCTTCGCCCGCGCCAGCCTCAAGAGCGGGAAGACAGAGAGCTCGTCATAC
 ValGlySerProPheAlaArgAlaSerLeuLysSerGlyLysThrGluSerSerSerTyr

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

10 430 450 470
 TTCCGGAGGAAGGAGAAGATGTTCCGGTTTTTTATCCGGCGCATGGTGAAGGCTCAGAGC
 PheArgArgLysGluLysMetPheArgPhePheIleArgArgMetValLysAlaGlnSer
 15
 490 510 530
 TTCTACTGGGTGGTGTGTGCGTGGTGGCCCTGAACACACTGTGTGTGGCCATGGTGCAT
 PheTyrTrpValValLeuCysValValAlaLeuAsnThrLeuCysValAlaMetValHis
 20
 550 570 590
 TACAACCAGCCGCGCGGCTTACCACGACCTGTATTTTGCAGAGTTGTTCCTGGGT
 TyrAsnGlnProArgArgLeuThrThrThrLeuTyrPheAlaGluPheValPheLeuGly
 25
 610 630 650
 CTCTTCCTCAGAGATGTCCCTGAAGATGTATGGCCTGGGGCCCAGAAGCTACTTCCGG
 LeuPheLeuThrGluMetSerLeuLysMetTyrGlyLeuGlyProArgSerTyrPheArg
 30
 670 690 710
 TCCTCCTTCAACTGCTTCGACTTTGGGGTCATCGTGGGGAGCGTCTTTGAAGTGGTCTGG
 SerSerPheAsnCysPheAspPheGlyValIleValGlySerValPheGluValValTrp
 35
 730 750 770
 GCGGCCATCAAGCCGGAAGCTCCTTTGGGATCAGTGTGCTGCGGGCCCTCCGCCTGCTG
 AlaAlaIleLysProGlySerSerPheGlyIleSerValLeuArgAlaLeuArgLeuLeu
 40
 790 810 830
 AGGATCTTCAAAGTCACGAAGTACTGGAGCTCCCTGCGGAACCTGGTGGTGTCCCTGCTG
 ArgIlePheLysValThrLysTyrTrpSerSerLeuArgAsnLeuValValSerLeuLeu
 45
 50
 55

Sequenzprotokoll:

5 Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 pR14-5.3.3.1, cont.

	850	870	890
15	AACTCCATGAAGTCCATCATCAGCCTGCTCTTCTTGCTCTTCCTGTTCAATTGTGGTCTTC		
	AsnSerMetLysSerIleIleSerLeuLeuPheLeuLeuPheLeuPheIleValValPhe		
	910	930	950
20	GCCCTGCTGGGGATGCAGCTGTTTGGGGGACAGTTCAACTTCCAGGATGAGACTCCCACA		
	AlaLeuLeuGlyMetGlnLeuPheGlyGlyGlnPheAsnPheGlnAspGluThrProThr		
25	970	990	1010
	ACCAACTTCGACACCTTCCCTGCCGCCATCCTCACTGTCTTCCAGATCCTGACGGGAGAG		
30	ThrAsnPheAspThrPheProAlaAlaIleLeuThrValPheGlnIleLeuThrGlyGlu		
	1030	1050	1070
35	GACTGGAATGCAGTGATGTATCACGGGATCGAATCGCAAGGCGGCGTCAGCAAAGGCATG		
	AspTrpAsnAlaValMetTyrHisGlyIleGluSerGlnGlyGlyValSerLysGlyMet		
	1090	1110	1130
40	TTCTCGTCCTTtTACTTCATTGTCTCTGACACTGTTCGGAAACTACACTCTGCTGAAtGTC		
	PheSerSerPheTyrPheIleValLeuThrLeuPheGlyAsnTyrThrLeuLeuAsnVal		
45	1150	1170	1190
	TTTCTGGCCATCGCTGTGGACAACCTGGCCAACGCCCAAGAGCTGACCAAGGATGAAGAG		
	PheLeuAlaIleAlaValAspAsnLeuAlaAsnAlaGlnGluLeuThrLysAspGluGlu		
50	1210	1230	1250
	GAGATGGAAGAAGCAGCCAATCAGAAGCTTGCTCTGCAAAAGGCCAAAGAAGTGGCTGAA		
55	GluMetGluGluAlaAlaAsnGlnLysLeuAlaLeuGlnLysAlaLysGluValAlaGlu		

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

	1270	1290	1310
15	GTCAGCCCCATGTCTGCCGCGAACATCTCCATCGCCGCGCAGCAGAACTCGGCCAAGGCG		
	ValSerProMetSerAlaAlaAsnIleSerIleAlaAlaGlnGlnAsnSerAlaLysAla		
20	1330	1350	1370
	CGCTCGGTGTGGGAGCAGCGGGCCAGCCAGCTACGGCTGCAGAACCTGCGGGCCAGCTGC		
	ArgSerValTrpGluGlnArgAlaSerGlnLeuArgLeuGlnAsnLeuArgAlaSerCys		
25	1390	1410	1430
	GAGGCGCTGTACAGCGAGATGGACCCCGAGGAGCGGCTGCGCTTCGCCACTACGCGCCAC		
30	GluAlaLeuTyrSerGluMetAspProGluGluArgLeuArgPheAlaThrThrArgHis		
35	1450	1470	1490
	CTGCGGCCCCGACATGAAGACGCACCTGGACCGGCCGCTGGTGGTGGAGCTGGGCCGCGAC		
	LeuArgProAspMetLysThrHisLeuAspArgProLeuValValGluLeuGlyArgAsp		
40	1510	1530	1550
	GGcGCGCGGGGGCCCGTGGGAGGCAAAGCCCGACCTGAGGCTGCGGAGGCCCCCGAGGGC		
	GlyAlaArgGlyProValGlyGlyLysAlaArgProGluAlaAlaGluAlaProGluGly		
45	1570	1590	1610
	GTCGACCCTCCGCGCAGGCACCACCGGCACCGCGACAAGGACAAGACCCCGCGGCGGGG		
50	ValAspProProArgArgHisHisArgHisArgAspLysAspLysThrProAlaAlaGly		
55	1630	1650	1670
	GACCAGGACCGAGCAGAGGCCCCGAAGGCGGAGAGCGGGGAGCCCGGTGCCCCGGGAGGAG		
	AspGlnAspArgAlaGluAlaProLysAlaGluSerGlyGluProGlyAlaArgGluGlu		

Sequenzprotokoll:
 6 Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 pR14.5.3.3.1, cont.

	1690	1710	1730
15	CGGCCGCGGCCCGACCGCAGCCACAGCAAGGAGGCCGCGGGCCCCCGGAGGCGCGGAGC		
	ArgProArgProAspArgSerHisSerLysGluAlaAlaGlyProProGluAlaArgSer		
	1750	1770	1790
20	GAGCGCGGCCGAGGCCAGGCCCCGAGGGCGGCCGCGGCACCACCGCGCGGCTCCCCG		
	GluArgGlyArgGlyProGlyProGluGlyGlyArgArgHisHisArgArgGlySerPro		
25	1810	1830	1850
	GAGGAGGCGGCCGAGCGGGAGCCCCGACGCCACCGCGCGCACCGGCACCAGGATCCGAGC		
30	GluGluAlaAlaGluArgGluProArgArgHisArgAlaHisArgHisGlnAspProSer		
	1870	1890	1910
35	AAGGAGTGCGCCGCGCCAAGGGCGAGCGGCGCGCGCGCACCGCGCGGCCCGGAGCG		
	LysGluCysAlaGlyAlaLysGlyGluArgArgAlaArgHisArgGlyGlyProArgAla		
	1930	1950	1970
40	GGGCCCCGGGAGGCGGAGAGCGGGAGAGCCGGCGCGGCGGCACCGGGCCCGGCACAAG		
	GlyProArgGluAlaGluSerGlyGluGluProAlaArgArgHisArgAlaArgHisLys		
45	1990	2010	2030
	GCGCAGCCTGCTCACGAGGCTGTGGAGAAGGAGACCACGAGAAGGAGGCCACGGAGAAG		
	AlaGlnProAlaHisGluAlaValGluLysGluThrThrGluLysGluAlaThrGluLys		
50	2050	2070	2090
	GAGGCTGAGATAGTGGAAGCCGACAAGGAAAAGGAGCTCCGGAACCACCAGCCCCGGGAG		
55	GluAlaGluIleValGluAlaAspLysGluLysGluLeuArgAsnHisGlnProArgGlu		

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

5	2110	2130	2150
	CCACACTGTGACCTGGAGACCAGTGGGACTGTGACTGTGGGTCCCATGCACACTGCCC		
10	ProHisCysAspLeuGluThrSerGlyThrValThrValGlyProMetHisThrLeuPro		
	2170	2190	2210
15	AGCACCTGTCTCCAGAAGGTGGAGGAACAGCCAGAGGATGCAGACAATCAGCGGAACGTC		
	SerThrCysLeuGlnLysValGluGluGlnProGluAspAlaAspAsnGlnArgAsnVal		
20	2230	2250	2270
	ACTCGCATGGGCAGTCAGCCCCAGACCCGAACACTATTGTACATATCCCAGTGATGCTG		
25	ThrArgMetGlySerGlnProProAspProAsnThrIleValHisIleProValMetLeu		
30	2290	2310	2330
	ACGGGCCCTCTTGGGGAAGCCACGGTCGTTCCCAGTGGTAACGTGGACCTGGAAAGCCAA		
35	ThrGlyProLeuGlyGluAlaThrValValProSerGlyAsnValAspLeuGluSerGln		
	2350	2370	2390
40	GCAGAGGGGAAGAAGGAGGTGGAAGCGGATGACGTGATGAGGAGCGGCCCCCGCCTATC		
	AlaGluGlyLysLysGluValGluAlaAspAspValMetArgSerGlyProArgProIle		
45	2410	2430	2450
	GTCCCATACAGCTCCATGTTCTGTTTAAGCCCCACCAACCTGcTCCGCCGCTTCTGCCAC		
50	ValProTyrSerSerMetPheCysLeuSerProThrAsnLeuLeuArgArgPheCysHis		
	2470	2490	2510
55	TACATCGTGACCATGAGGTACTTCGAGGTGGTCATTCTCGTGGTCATCGCCTTGAGCAGC		
	TyrIleValThrMetArgTyrPheGluValValIleLeuValValIleAlaLeuSerSer		

Sequenzprotokoll:

5 Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

10

2530

2550

2570

ATCGCCCTGGCTGCTGAGGACCAGTGCGCACAGACTCGCCCAGGAACAACGCTCTGAaA

15

IleAlaLeuAlaAlaGluAspProValArgThrAspSerProArgAsnAsnAlaLeuLys

2590

2610

2630

20

TACCTGGATACATTTTCACTGGTGTCTTTACCTTTGAGATGGTGATAAAGATGATCGAC

TyrLeuAspTyrIlePheThrGlyValPheThrPheGluMetValIleLysMetIleAsp

25

2650

2670

2690

TTGGGACTGCTGCTTACCCTGGAGCCTATTTCCGGGACTTGTGGAACATTCTGGACTTC

LeuGlyLeuLeuLeuHisProGlyAlaTyrPheArgAspLeuTrpAsnIleLeuAspPhe

30

2710

2730

2750

ATTGTGGTCAGTGGCGcCCTGGTGGCGTTTGctTTCTCAGGATCCAAAGGGaAAGACATC

35

IleValValSerGlyAlaLeuValAlaPheAlaPheSerGlySerLysGlyLysAspIle

2770

2790

2810

40

AATACCATCAAGTCTCTGAGAGTCCTTCGTGTcCTGCGGCCCCCTCAAGACCATCAAACGG

AsnThrIleLysSerLeuArgValLeuArgValLeuArgProLeuLysThrIleLysArg

2830

2850

2870

45

CTGCCCAAGCTCAAGGCTGTGTTGACTGTGTGGTGAACCTCCCTGAAGAATGTCCTCAAC

LeuProLysLeuLysAlaValPheAspCysValValAsnSerLeuLysAsnValLeuAsn

50

2890

2910

2930

ATCTTGATTGTCTACATGCTCTTCATGTTcATATTTGCCGTCATTGCGGTGCAGCTCTTC

55

IleLeuIleValTyrMetLeuPheMetPheIlePheAlaValIleAlaValGlnLeuPhe

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

2950 2970 2990
 AAAGGGAAGT TTTTCTACTGCACAGATGAATCCAAGGAGCTGGAGAGGGACTGCAGGGGT
 LysGlyLysPhePheTyrCysThrAspGluSerLysGluLeuGluArgAspCysArgGly

3010 3030 3050
 CAGTATTTGGATTATGAGAAGGAGGAAGTGGAAGCTCAGCCCAGGCAGTGAAGAAATAC
 GlnTyrLeuAspTyrGluLysGluGluValGluAlaGlnProArgGlnTrpLysLysTyr

3070 3090 3110
 GACTTTCAC TACGACAATGTGCTCTGGGCTCTGCTGACGCTGTTACAGTGTCCACGGGA
 AspPheHisTyrAspAsnValLeuTrpAlaLeuLeuThrLeuPheThrValSerThrGly

3130 3150 3170
 GAAGGCTGGCCCATGGTGCTGAAACACTCCGTGGATGCCACCTATGAGGAGCAGGGTCCA
 GluGlyTrpProMetValLeuLysHisSerValAspAlaThrTyrGluGluGlnGlyPro

3190 3210 3230
 AGCCCTGGGTACCGCATGGAGCTGTCCATCTTCTACGTGGTCTACTTTGTGGTCTTTCCC
 SerProGlyTyrArgMetGluLeuSerIlePheTyrValValTyrPheValValPhePro

3250 3270 3290
 TTCTTCTTCGTCAACATCTTTGTGGCTTTGATCATCATCACCTTCCAGGAGCAGGGGGAC
 PhePhePheValAsnIlePheValAlaLeuIleIleIleThrPheGlnGluGlnGlyAsp

3310 3330 3350
 AAGGTGATGTCTGAATGCAGCCTGGAGAAGAACGAGAGGGCTTGCAATTGACTTCGCCATC
 LysValMetSerGluCysSerLeuGluLysAsnGluArgAlaCysIleAspPheAlaIle

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

5	3370	3390	3410
	AGCGCCAAACCCCTGACACGGTACATGCCCCAAAACCGGCAGTCGTTCCAGTATAAGACg		
15	SerAlaLysProLeuThrArgTyrMetProGlnAsnArgGlnSerPheGlnTyrLysThr		
	3430	3450	3470
	TGGACATTTGTGGTCTCCCCGCCCTTTGAATACTTCATCATGGCCATGATaGCCCTCAAC		
20	TrpThrPheValValSerProProPheGluTyrPheIleMetAlaMetIleAlaLeuAsn		
	3490	3510	3530
	ACTGTGGTgCTgATgATGAAGTTCTATGATGCACCCTATGAGTACgAGCTGATGCTGAAA		
25	ThrValValLeuMetMetLysPheTyrAspAlaProTyrGluTyrGluLeuMetLeuLys		
	3550	3570	3590
	TGCCTGAACATCGTGTTCACATCCATGTTCTCCATGGAATGCGTGCTGAAGATCATCGCC		
30	CysLeuAsnIleValPheThrSerMetPheSerMetGluCysValLeuLysIleIleAla		
	3610	3630	3650
	TTTgGGGTGCTGAACTATTTTCAGAGATGCCTGGAATGTCTTTGACTTTGTCACTGTGTTg		
40	PheGlyValLeuAsnTyrPheArgAspAlaTrpAsnValPheAspPheValThrValLeu		
	3670	3690	3710
	GGAAGTATTACTGATATTTTAGTAACAGAGATtGCGGAAACGAACAATTTTCATCAACCTC		
45	GlySerIleThrAspIleLeuValThrGluIleAlaGluThrAsnAsnPheIleAsnLeu		
	3730	3750	3770
	AGCTTCCTCCGcCTCTTTCGAGCTGNGCGGCTGATCAAGCTGCTCcGGCAGGGCTACACC		
50	SerPheLeuArgLeuPheArgAlaXxxArgLeuIleLysLeuLeuArgGlnGlyTyrThr		
55			

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

3790 3810 3830
 ATCCGCATCCTGCTGTGGACCTTTGTCCAGTCCCTCAAGGCCCTGCCCTACGTGTGTCTG
 IleArgIleLeuLeuTrpThrPheValGlnSerPheLysAlaLeuProTyrValCysLeu

3850 3870 3890
 CTCATTGCCATGCTGTTCTTCATCTACGCCATCATCGGCATGCAGGTGTTGGGAATATT
 LeuIleAlaMetLeuPhePheIleTyrAlaIleIleGlyMetGlnValPheGlyAsnIle

3910 3930 3950
 GCCCTGGATGATGACACCAGCATCAACCGCCACAACAACCTCCGGACGTTTTTGCAAGCC
 AlaLeuAspAspAspThrSerIleAsnArgHisAsnAsnPheArgThrPheLeuGlnAla

3970 3990 4010
 CTGATGCTGCTGTTTCAGGAGCGCCACGGGGAGGCCTGGCAGAGATCATGCTGTCCTGC
 LeuMetLeuLeuPheArgSerAlaThrGlyGluAlaTrpHisGluIleMetLeuSerCys

4030 4050 4070
 CTGAGCAACCAGGCCTGTGATGAGCAGGCCAATGCCACCGAGTGTGGAAGTGACTTTGCC
 LeuSerAsnGlnAlaCysAspGluGlnAlaAsnAlaThrGluCysGlySerAspPheAla

4090 4110 4130
 TACTTCTACTTCGTCTCCTTCATCTTCCTGTGCTCCTTTCTGATGTTGAACCTCTTTGTG
 TyrPheTyrPheValSerPheIlePheLeuCysSerPheLeuMetLeuAsnLeuPheVal

4150 4170 4190
 GCTGTGATCATGGACAATTTTGAGTACCTCACGCGGGACTCTCCATCCTAGGTCTCTCAC
 AlaValIleMetAspAsnPheGluTyrLeuThrArgAspSerSerIleLeuGlyProHis

Sequenzprotokoll:

5 Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 pR14-5.3.3.1, cont.

	4210	4230	4250
15	CACTTGGATGAGTTCATCCGGGTCTgGGCTGAATACGACCCGGctGcGTGTGGGCGCATC		
	HisLeuAspGluPheIleArgValTrpAlaGluTyrAspProAlaAlaCysGlyArgIle		
	4270	4290	4310
20	AGTTACAATGACATGTTTGAGATGCTGAAACACATGTCCCCGCCTCTGGGGCTGGGGAAG		
	SerTyrAsnAspMetPheGluMetLeuLysHisMetSerProProLeuGlyLeuGlyLys		
	4330	4350	4370
25	AAATGCCCTGCTCGAGTTGCTTACAAGCGCCTGGTTCGCATGAACATGCCCATCTCCAAC		
30	LysCysProAlaArgValAlaTyrLysArgLeuValArgMetAsnMetProIleSerAsn		
	4390	4410	4430
35	GAGGACATGACTGTTCACGTCCACGCTGATGGCCCTCATCCGGACGGCACTGGAG		
	GluAspMetThrValHisPheThrSerThrLeuMetAlaLeuIleArgThrAlaLeuGlu		
	4450	4470	4490
40	ATCAAGCTGGCCCCAGCTGGGACAAAGCAGCATCAGTGTGACGCGGAGTTGAGGAAGGAG		
	IleLysLeuAlaProAlaGlyThrLysGlnHisGlnCysAspAlaGluLeuArgLysGlu		
	4510	4530	4550
45	ATTTCCGTTGTGTGGGCCAATCTGCCCCAGAAGACTTTGGACTTGCTGGTACCACCCCAT		
	IleSerValValTrpAlaAsnLeuProGlnLysThrLeuAspLeuLeuValProProHis		
50	4570	4590	4610
	AAGCCTGATGAGATGACAGTGGGGAAGGTTTATGCAGCTCTGATGATATTTGACTTCTAC		
55	LysProAspGluMetThrValGlyLysValTyrAlaAlaLeuMetIlePheAspPheTyr		

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

4630 4650 4670
 AAGCAGAACA AAAACCACCAGAGACCAGATGCAGCAGGCTCCTGGAGGCCTCTCCCAGATg
 LysGlnAsnLysThrThrArgAspGlnMetGlnGlnAlaProGlyGlyLeuSerGlnMet

 4690 4710 4730
 GGTCCCTGTGTCCCTGTTCCACCCTCTGAAGGCCACCCTGGAGCAGACACAGCCGGCTGTg
 GlyProValSerLeuPheHisProLeuLysAlaThrLeuGluGlnThrGlnProAlaVal

 4750 4770 4790
 CTCCGAGGAGCCCGGGTTTTcCTTCGACAGAAGAGTTCCACCTCCCTCAGCAATGGCGGG
 LeuArgGlyAlaArgValPheLeuArgGlnLysSerSerThrSerLeuSerAsnGlyGly

 4810 4830 4850
 GCCATACAAAACCAAGAGAGTGGCATCAaAGAGTCTGTCTCCTGGGGCACTCAAAGGACC
 AlaIleGlnAsnGlnGluSerGlyIleLysGluSerValSerTrpGlyThrGlnArgThr

 4870 4890 4910
 CAGGATGCACCCCATGAGGCCAGGCCACCCTGGAGCGTGGCCACTCCACAGAGATCCCT
 GlnAspAlaProHisGluAlaArgProProLeuGluArgGlyHisSerThrGluIlePro

 4930 4950 4970
 GTGGGGCGGTCAGGAGCACTGGCTGTGGACGTTTCAGATGCAGAGCATAACCCGGAGGGGc
 ValGlyArgSerGlyAlaLeuAlaValAspValGlnMetGlnSerIleThrArgArgGly

 4990 5010 5030
 CCTGATGGGGAGCCCCAGCCTGGGCTGGAGAGCCAGGGTCGAGCGGCCTCCATGCCCCGc
 ProAspGlyGluProGlnProGlyLeuGluSerGlnGlyArgAlaAlaSerMetProArg

Sequenzprotokoll:
 5 Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 pR14-5.3.3.1, cont.

	5050	5070	5090
15	CTTGCGGCCGAGACTCAGCCCGTCACAGATGCCAGCCCCATGAAGCGCTCCATCTCCACG		
	LeuAlaAlaGluThrGlnProValThrAspAlaSerProMetLysArgSerIleSerThr		
	5110	5130	5150
20	CTGGCCCAGCGGCCCCGTGGGACTCATCTTTGCAGCACCACCCCGGACCGCCACCCCT		
	LeuAlaGlnArgProArgGlyThrHisLeuCysSerThrThrProAspArgProProPro		
25	5170	5190	5210
	AGCCAGGCGTCGTCGCACCACCACCACCACCGCTGCCACCGCCGCAGGGACAGGAAGCAG		
30	SerGlnAlaSerSerHisHisHisHisHisArgCysHisArgArgArgAspArgLysGln		
	5230	5250	5270
35	AGGTCCTTGGAGAAGGGGCCAGCCTGTCTGCCGATATGGATGGCGCACCAAGCAGTGCT		
	ArgSerLeuGluLysGlyProSerLeuSerAlaAspMetAspGlyAlaProSerSerAla		
	5290	5310	5330
40	GTGGGGCCGGGGCTGCCCCCGGGAGAGGGCCTACAGGCTGCCGGCGGGAACGAGAGCGC		
	ValGlyProGlyLeuProProGlyGluGlyProThrGlyCysArgArgGluArgGluArg		
45	5350	5370	5390
	CGGCAGGAGCGGGGCCGGTCCCAGGAGCGGAGGCAGCCCTCATCCTCCTCGGAGAAG		
	ArgGlnGluArgGlyArgSerGlnGluArgArgGlnProSerSerSerSerSerGluLys		
50	5410	5430	5450
	CAGCGCTTCTACTCCTGCGACCGCTTTGGGGCCGTGAGCCCCGAAGCCCAAGCCCTCC		
55	GlnArgPheTyrSerCysAspArgPheGlyGlyArgGluProProLysProLysProSer		

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

5470	5490	5510
CTCAGCAGCCACCCAACGTCGCCAACAGCTGGCCAGGAGCCGGGACCCACACAGGGC		
LeuSerSerHisProThrSerProThrAlaGlyGlnGluProGlyProHisProGlnGly		
5530	5550	5570
AGTGGTTCCGTGAATGGGAGCCCCTTGCTGTCAACATCTGGTGCTAGCACCCCGGCcGC		
SerGlySerValAsnGlySerProLeuLeuSerThrSerGlyAlaSerThrProGlyArg		
5590	5610	5630
GGTGGGCGGAGGCAGCTCCCCAGACGCCCTGACTCCCCGCCCCAGCATCACCTACAAG		
GlyGlyArgArgGlnLeuProGlnThrProLeuThrProArgProSerIleThrTyrLys		
5650	5670	5690
ACGGCCAACTCCTCACCCATCCACTTCGCCGGGGCTCAGACCAGCCTCCCTGCCTTCTCC		
ThrAlaAsnSerSerProIleHisPheAlaGlyAlaGlnThrSerLeuProAlaPheSer		
5710	5730	5750
CCAGGCCGGCTCAGCCGTGGGCTTTCGGAACACAACGCCCTGCTGCAGAGAGACCCCTC		
ProGlyArgLeuSerArgGlyLeuSerGluHisAsnAlaLeuLeuGlnArgAspProLeu		
5770	5790	5810
AGCCAGCCCCTGGCCCCTGGCTCTCGAATTGGCTCTGACCCTTACCTGGGGCAGcGTCTG		
SerGlnProLeuAlaProGlySerArgIleGlySerAspProTyrLeuGlyGlnArgLeu		
5830	5850	5870
GACAGTGAGGCCTCTGTCCACGCCCTGCCTGAGGACACGCTCACTTTCGAGGAGGCTGTG		
AspSerGluAlaSerValHisAlaLeuProGluAspThrLeuThrPheGluGluAlaVal		

Sequenzprotokoll:

5 Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10

pR14-5.3.3.1, cont.

15

5890

5910

5930

GCCACCAACTCGGGCCGCTCCTCCAGGACTTCCTACGTGTCCTCCCTGACCTCCCAGTCT
 AlaThrAsnSerGlyArgSerSerArgThrSerTyrValSerSerLeuThrSerGlnSer

20

5950

5970

5990

CACCCTCTCCGCCGCGTGCCCAACGGTTACCACTGCACCCTGGGACTCAGCTCGGGTGGC
 HisProLeuArgArgValProAsnGlyTyrHisCysThrLeuGlyLeuSerSerGlyGly

25

6010

6030

6050

CGAGCACGGGCACAGCTACCACCACCTGACCAAGACCACTGGTGCTAGCTGCACCGTGAC
 ArgAlaArgHisSerTyrHisHisProAspGlnAspHisTrpCysEnd

30

6070

6090

6110

CGCTCAGACGCCTGCATGCAGCAGGCGTGTTCCAGTGGATGAGTTTTATCATCCACAC

35

6130

6150

6170

GGGGCAGTCGGCCCTCGGGGGAGGCCTTGCCACCTTGGTGAGGCTCCTGTGGCCCTCC

40

6190

6210

6230

CTCCCCCTCCTCCCCCTCTTTTACTCTAGACGACGAATAAAGCCCTGTTAGAG

45

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/12
 Int. Code: pCA3
 Länge: 2.980 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

6
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

10 30 50
 GAATTCTCAATCTCTCATCTTATGCAAAAATCAACTCAAGATGGATCAAAAGACCTAAAT
 GluPheSerIleSerHisLeuMetGlnLysSerThrGlnAspGlySerLysAspLeuAsn

70 90 110
 CCAAGACCTGAAACCATAAAGATACTAGAAGGTAACATCAGAATAATCTTCAAGACATTG
 ProArgProGluThrIleLysIleLeuGluGlyAsnIleArgIleIlePheLysThrLeu

130 150 170
 GCTTAGGCAAAGACTTTTTGACCAAAACCCAAAAGAACAACAAACCAGAAGTCAACCAG
 AlaEndAlaLysThrPheEndProLysThrGlnLysAsnAsnLysProGluValAsnGln

190 210 230
 ATAGCCAACAGTGACAACAAGGTTACAATTGATGACTATAGAGAAGAGGATGAAGACAAG
 IleAlaAsnSerAspAsnLysValThrIleAspAspTyrArgGluGluAspGluAspLys

250 270 290
 GACCCCTATCCGCTTGCGATGTGCCAGTAGGGGAAGAGGAAGAGGAAGAGGAGGAGGAT
 AspProTyrProProCysAspValProValGlyGluGluGluGluGluGluGluGluAsp

310 330 350
 GAACCTGAGGTTCTGCGGACCCCGTCCTCGAAGGATCTCGGAGTTGAACATGAAGGAA
 GluProGluValProAlaGlyProArgProArgArgIleSerGluLeuAsnMetLysGlu

370 390 410
 AAAATTGCCCCCATCCCTGAAGGGAGCGCTTCTTCATTCTTAGCAAGACCAACCCGATC
 LysIleAlaProIleProGluGlySerAlaPhePheIleLeuSerLysThrAsnProIle

430 450 470
 CGCGTAGGCTGCCACAAGCTCATCAACCAACACATCTTCACCAACCTCATCCTTGTCTTC
 ArgValGlyCysHisLysLeuIleAsnHisHisIlePheThrAsnLeuIleLeuValPhe

490 510 530
 ATCATGCTGAGCAGCGCTGCCCTGGCCGCAGAGGACCCCATCCGCAGCCACTCCTTCCGG
 IleMetLeuSerSerAlaAlaLeuAlaAlaGluAspProIleArgSerHisSerPheArg

550 570 590
 AACACGATACTGGGTTACTTTGACTATGCCTTCACAGCCATCTTTACTGTTGAGATCCTG
 AsnThrIleLeuGlyTyrPheAspTyrAlaPheThrAlaIlePheThrValGluIleLeu

610 630 650
 TTGAAGATGACAACTTTTGGAGCTTTCCTCCACAAAGGGGCCTTCTGCAGGAAGTACTTC
 LeuLysMetThrThrPheGlyAlaPheLeuHisLysGlyAlaPheCysArgAsnTyrPhe

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/12

Int. Code: pCA3

Länge: 2.980 bp

Typ: DNA + Aminosäure

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

670 690 710
 AATTTGCTGGATATGCTGGTGGTGGGGTGTCTCTGGTGTCAATTCAGT
 AsnLeuLeuAspMetLeuValValGlyValSerLeuValSerPheGlyIleGlnSerSer

730 750 770
 GCCATCTCCGTTGTGAAGATTCTGAGGGTCTTAAGGGTCCTGCGTCCCTCAGGGCCATC
 AlaIleSerValValLysIleLeuArgValLeuArgValLeuArgProLeuArgAlaIle

790 810 830
 AACAGAGCAAAAGGACTTAAGCACGTGGTCCAGTGCCTCTTCGTGGCCATCCGGACCATC
 AsnArgAlaLysGlyLeuLysHisValValGlnCysValPheValAlaIleArgThrIle

850 870 890
 GGCAACATCATGATCGTCACCACCCTCCTGCAGTTCATGTTTGCCTGTATCGGGGTCCAG
 GlyAsnIleMetIleValThrThrLeuLeuGlnPheMetPheAlaCysIleGlyValGln

910 930 950
 TTGTTCAAGGGGAAGTTCTATCGCTGTACGGATGAAGCCAAAAGTAACCTGTTGAATGC
 LeuPheLysGlyLysPheTyrArgCysThrAspGluAlaLysSerAsnProValGluCys

970 990 1010
 AGGGGACTTTTCATCCTCTACAAGGATGGGGATGTTGACAGTGGTGTGGTCCGTGAACGG
 ArgGlyLeuPheIleLeuTyrLysAspGlyAspValAspSerGlyValValArgGluArg

1030 1050 1070
 ACTCGGCAAAACAGTGATTTCACCTTCGACAACGTCCTCTCTGCTATGATGGCGCTCTTC
 ThrArgGlnAsnSerAspPheAsnPheAspAsnValLeuSerAlaMetMetAlaLeuPhe

1090 1110 1130
 ACAGTCTCCACGTTTGAGGGCTGGCCTCGGTTGCTGTATAAAGCCATCGACTCGAATGGA
 ThrValSerThrPheGluGlyTrpProArgLeuLeuTyrLysAlaIleAspSerAsnGly

1150 1170 1190
 GAGAACATCGGCCCAATCTACAACCACCGCGTGGAGATCTCCATCTTCTTCATCATCTAC
 GluAsnIleGlyProIleTyrAsnHisArgValGluIleSerIlePhePheIleIleTyr

1210 1230 1250
 ATCATCATTGTAGCTTTCTTCATGATGAACATCTTTGTGGGCTTTGTATCGTTACATTT
 IleIleIleValAlaPhePheMetMetAsnIlePheValGlyPheValIleValThrPhe

1270 1290 1310
 CAGGAACAAGGAGAAAAAGAGTATAAGAACTGTGAGCTGGACAAAATCAGCGTCAGTGT
 GlnGluGlnGlyGluLysGluTyrLysAsnCysGluLeuAspLysAsnGlnArgGlnCys

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/12
 Int. Code: pCA3
 Länge: 2.980 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

	1330	1350	1370
5	GTTGAATACGCCTTGAAAGCACGTCCTTTGCGGAGATACATCCCCAAAACCCCTACCAG		
10	ValGluTyrAlaLeuLysAlaArgProLeuArgArgTyrIleProLysAsnProTyrGln		
	1390	1410	1430
15	TACAAGTTCTGGTACGCGGCGAACTCTTCGCCTTTTGAATACATGATGTTTGTCTCATC		
	TyrLysPheTrpTyrAlaAlaAsnSerSerProPheGluTyrMetMetPheValLeuIle		
	1450	1470	1490
20	ATGCTCAACACACTCTGCTTGGCCATGCAGCACTACGAGCAGTCCAAGATGTTCAATGAT		
	MetLeuAsnThrLeuCysLeuAlaMetGlnHisTyrGluGlnSerLysMetPheAsnAsp		
	1510	1530	1550
25	GCCATGGACATTCTGAACATGGTCTTCACCGGGGTGTTACCGTCGAGATGGTTTTGAAA		
	AlaMetAspIleLeuAsnMetValPheThrGlyValPheThrValGluMetValLeuLys		
	1570	1590	1610
30	GTCATCGCATTTAAGCCTAAGGGSTATTTTAGTGACGCCTGGAACACGTTTAGCTCCCTC		
	ValIleAlaPheLysProLysGlyTyrPheSerAspAlaTrpAsnThrPheSerSerLeu		
	1630	1650	1670
35	ATCGTAATCGGCAGCATTATAGACGTCGCCCTCAGCGAAGCAGACCACTATTTCACTGAT		
	IleValIleGlySerIleIleAspValAlaLeuSerGluAlaAspHisTyrPheThrAsp		
	1690	1710	1730
40	GCATGGAACACTTTTGATGCCTTAATTGTTGTTGGTAGCGTCGTTGATATTGCTATAACT		
	AlaTrpAsnThrPheAspAlaLeuIleValValGlySerValValAspIleAlaIleThr		
	1750	1770	1790
45	GAAGTGAATCCAACTGAAAGTGAAATGTCCCTGTCCCAACTGCTACACCTGGGAACTCT		
	GluValAsnProThrGluSerGluAsnValProValProThrAlaThrProGlyAsnSer		
	1810	1830	1850
50	GAAGAGAGCAATAGAATCTCCATCACCTTTTCCGTCTTTTCCGAGTGATGCGATTGGTG		
	GluGluSerAsnArgIleSerIleThrPhePheArgLeuPheArgValMetArgLeuVal		
	1870	1890	1910
55	AAGCTTCTCAGCAGGGGGGAAGGCATCCGGACATTGCTGTGGACTTTTATTAAGTCCTTT		
	LysLeuLeuSerArgGlyGluGlyIleArgThrLeuLeuTrpThrPheIleLysSerPhe		
	1930	1950	1970
	CAGGCGCTCCCGTATGTGGCCCTCCTCATAGCCATGCTGTTCTTCATCTATGCGGTCATT		
	GlnAlaLeuProTyrValAlaLeuLeuIleAlaMetLeuPhePheIleTyrAlaValIle		

Sequenzprotokoll:

5 Sequenz Nr.: 27980/10
 Int. Code: pRR5-8 entire clone
 Länge: 2.655 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 490 510 530
 CAAGAAGCTCATCGATTGGCCGCCATTTGAGTACATGATCCTGGCCACCATCATTGCCAA
 aLysLysLeuIleAspTrpProProPheGluTyrMetIleLeuAlaThrIleIleAlaAs

15 550 570 590
 CTGCATCGTCTGGCCCTGGAGCAGCATCTTCCTGAGGATGACAAGACCCCATGTCCcG
 nCysIleValLeuAlaLeuGluGlnHisLeuProGluAspAspLysThrProMetSerAr

20 610 630 650
 AAGACTGGAGAAGACAGAACCTTATTTTCATTGGGATCTTTGCTTTGAAGCTGGGATCAA
 gArgLeuGluLysThrGluProTyrPheIleGlyIlePheCysPheGluAlaGlyIleLy

25 670 690 710
 AATTGTGGCCCTGGGGTTCATCTTCCATAAGGGCTCTTACCTCCGCAATGGCTGGAATGT
 sIleValAlaLeuGlyPheIlePheHisLysGlySerTyrLeuArgAsnGlyTrpAsnVa

30 730 750 770
 CATGGACTTCATCGTGGTcCTCAgTgGCATCCTGGCCACTGCAGGAACCCACTTCAATAC
 lMetAspPheIleValValLeuSerGlyIleLeuAlaThrAlaGlyThrHisPheAsnTh

35 790 810 830
 TCACGTGGACCTGAGGACCCTCCGGGCTGTGCGTGTCTGCGGCCTTTGAAGCTCGTGTc
 rHisValAspLeuArgThrLeuArgAlaValArgValLeuArgProLeuLysLeuValSe

40 850 870 890
 AGGGATACcTAGCCTGCAGATTGTGTTGAAGTCCATCATGAAGGCCATGGTACCTCTTCT
 rGlyIleProSerLeuGlnIleValLeuLysSerIleMetLysAlaMetValProLeuLe

45 910 930 950
 GCAGATTGGCCTTCTgCTCTTCTTTgCCATCCTGATGTTTGCTATCATTGGTTTGGAGTT
 uGlnIleGlyLeuLeuLeuPhePheAlaIleLeuMetPheAlaIleIleGlyLeuGluPh

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/10

Int. Code: pRR5-8

Länge: 2.655 bp

Typ: DNA + Aminosäure

970 990 1010
 CTACAGTGGCAAGTTACATCGAGCATGCTTCATGAACAATTCAGGTATTCTAGAAGGATT
 eTyrSerGlyLysLeuHisArgAlaCysPheMetAsnAsnSerGlyIleLeuGluGlyPh
 1030 1050 1070
 TGACCCCCCTCACCCATGTGGTGTGCAGGGCTGCCCAGCTGGTTATGAATGCAAGGACTG
 eAspProProHisProCysGlyValGlnGlyCysProAlaGlyTyrGluCysLysAspTr
 1090 1110 1130
 GATCGGCCCCAATGATGGGATCACCCAGTTTGATAACATCCTTTTGCTGTGCTGACTGT
 pIleGlyProAsnAspGlyIleThrGlnPheAspAsnIleLeuPheAlaValLeuThrVa
 1150 1170 1190
 CTTCCAGTGCATCACCATGGAAGGGTGGACCACTGTGCTGTACAATACCAATGATGCCTT
 lPheGlnCysIleThrMetGluGlyTrpThrThrValLeuTyrAsnThrAsnAspAlaLe
 1210 1230 1250
 AGGAGCCACCTGGAATTGGCTGTACTTCATCCCCCTCATCATCATTGGATCCTTCTTTGT
 uGlyAlaThrTrpAsnTrpLeuTyrPheIleProLeuIleIleIleGlySerPhePheVa
 1270 1290 1310
 TCTCAACCTAGTCCTGGGAGTGCTTTCGGGGAATTTGCCAAAGAGAGAGAGAGAGTGG
 lLeuAsnLeuValLeuGlyValLeuSerGlyGluPheAlaLysGluArgGluArgValGl

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/10
 Int. Code: pRR5-8
 Länge: 2.655 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5

1330

1350

1370

GAACCGAAGGGCTTTCATgAAGCTGCGGCGCCAGCAGCAGATTGAGCGTGAGCTGAATGG
 uAsnArgArgAlaPheMetLysLeuArgArgGlnGlnGlnIleGluArgGluLeuAsnGl

10

1390

1410

1430

CTACCGTGCCCTGGATAGACAAAGCAGAGGAAGTCATGCTCGCTGAAGAAAATAAAAATGC
 yTyrArgAlaTrpIleAspLysAlaGluGluValMetLeuAlaGluGluAsnLysAsnAl

15

1450

1470

1490

TGGAACATCCGCCTTAGAAGTGCTTCAAGGGCAACCATCAAGAGGAGCCGGACAGAGGC
 aGlyThrSerAlaLeuGluValLeuArgArgAlaThrIleLysArgSerArgThrGluAl

20

1510

1530

1550

CATGACTCGAGACTCCAGTGATGAGCACTGTGTTGATATCTCCTCTGTGGGCACACCTCT
 aMetThrArgAspSerSerAspGluHisCysValAspIleSerSerValGlyThrProLe

25

30

1570

1590

1610

GGCCCCGAGCCAGTATCAAAAGTGCAAAGGTAGACGGGGTCTCTTATTTCCGGCACAAGGA
 uAlaArgAlaSerIleLysSerAlaLysValAspGlyValSerTyrPheArgHisLysGl

35

1630

1650

1670

AAGGCTTCTGCGCATCTCCATTCGCCACATGGTTAAATCCCAGGTGTTTTACTGGATTGT
 uArgLeuLeuArgIleSerIleArgHisMetValLysSerGlnValPheTyrTrpIleVa

40

1690

1710

1730

GCTGAGCCTTGTGGCACTCAACACTGCCTGTGTGGCCATTGTCCATCACAACCAGCCCCA
 lLeuSerLeuValAlaLeuAsnThrAlaCysValAlaIleValHisHisAsnGlnProGl

45

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/10
 Int. Code: pRR5-8
 Länge: 2.655 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

1750 1770 1790
 GTGGCTCACCACCTCCTCTACTATGCAGAATTTCTGTTTCTGGGACTCTTCCTCTTGGA
 nTrpLeuThrHisLeuLeuTyrTyrAlaGluPheLeuPheLeuGlyLeuPheLeuLeuGl
 1810 1830 1850
 GATGTCCCTGAAGATGTATGGCATGGGGCCTCGCCTTTATTTTCACTCTTCATTCAACTG
 uMetSerLeuLysMetTyrGlyMetGlyProArgLeuTyrPheHisSerSerPheAsnCy
 1870 1890 1910
 CTTTGATTTTGGGGTCACAGTGGGCAGTATCTTTGAAGTGGTCTGGGCAATCTTCAGACC
 sPheAspPheGlyValThrValGlySerIlePheGluValValTrpAlaIlePheArgPr
 1930 1950 1970
 TGGTACGTCTTTTGGGAATCAGTGTCTTGCGAGCCCTCCGGCTTCTAAGAAATATTTAAAT
 oGlyThrSerPheGlyIleSerValLeuArgAlaLeuArgLeuLeuArgIlePheLysIl
 1990 2010 2030
 AACCAAGTATTGGGCTTCCCTACGGAATTTGGTGGTCTCCTTGATGAGCTCAATGAAGTC
 eThrLysTyrTrpAlaSerLeuArgAsnLeuValValSerLeuMetSerSerMetLysSe
 2050 2070 2090
 TATCATCAGTTTGCTTTTCCCTCCTCTTCCCTCTTCATCGTTGTCTTGCTCTCCTAGGAAT
 rIleIleSerLeuLeuPheLeuLeuPheLeuPheIleValValPheAlaLeuLeuGlyMe
 2110 2130 2150
 GCAGTTATTTGGAGGCAGGTTTAACTTTAATGATGGGACTCCTTCGGCAAATTTTGATAC
 tGlnLeuPheGlyGlyArgPheAsnPheAsnAspGlyThrProSerAlaAsnPheAspTh

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/10
 Int. Code: pRR5-8
 Länge: 2.655 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

2170 2190 2210
 10 CTTCCCTGCAGCCATCATGACTGTGTTCCAGATCCTGACGGGTGAGGACTGGAATGAGGT
 rPheProAlaAlaIleMetThrValPheGlnIleLeuThrGlyGluAspTrpAsnGluVa

2230 2250 2270
 15 GATGTACAAATGGGATCCGCTCCCAGGGTGGGGTCAGCTCAGGCATGTGGTCTGCCATCTA
 lMetTyrAsnGlyIleArgSerGlnGlyGlyValSerSerGlyMetTrpSerAlaIleTy

2290 2310 2330
 20 CTTCAATTGTGCTCACCTTGTTTGGCAACTACACGCTACTGAATGTGTTCTTGGCTATCGC
 rPheIleValLeuThrLeuPheGlyAsnTyrThrLeuLeuAsnValPheLeuAlaIleAl

2350 2370 2390
 25 TGTGGATAATCTCGCCAACGCCAGGAAGTACCAAGGATGAACAGGAGGAAGAAGAGGC
 aValAspAsnLeuAlaAsnAlaGlnGluLeuThrLysAspGluGlnGluGluGluGluAl

2410 2430 2450
 30 CTTCAACCAGAAACATGCACTGCAGAAGGCCAAGGAGGTACGCCCGATGTCTGCACCCAA
 aPheAsnGlnLysHisAlaLeuGlnLysAlaLysGluValSerProMetSerAlaProAs

2470 2490 2510
 40 CATGCCTTCGATCGAAAGAGACAGAAGGAGAAGACACCACATGTCGATGTGGGAGCCACG
 nMetProSerIleGluArgAspArgArgArgArgHisHisMetSerMetTrpGluProAr

45

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/10

Int. Code: pRR5-8

Länge: 2.655 bp

Typ: DNA + Aminosäure

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

2530

2550

2570

CAGCAGCCACCTGAGGGAGCGGAGGCGCCGGCACCACATGTCCGTGTGGGAGCAGCGTAC
gSerSerHisLeuArgGluArgArgArgHisHisMetSerValTrpGluGlnArgTh

2590

2610

2630

CAGCCAGCTGAGGAAGCACATGCAGATGTCCAGCCAGGAGGCCCTCAACAGAGAGGAGGC
rSerGlnLeuArgLysHisMetGlnMetSerSerGlnGluAlaLeuAsnArgGluGluAl

2650

GCCGACCATGAGCCC

aProThrMetSer

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 10 30 50
 TCCGCCTCTCGGGTTCAGGCAATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCGAGTAGCTGGGACTATAG

15 70 90 110
 GTGCTCACCACCATGCCTGGCTGATTTTTGTATTTTGTAGAGACAGGGTCTCCTCATG

20 130 150 170
 TTGGCCAGGTTGGTCTGAAATTCCTGACCTCAGGTGCTCCACCCACCTTGGCCATCCCAA

25 190 210 230
 GTCCCTGGGATTACAGGCGTGAGTCACTGCCTGGCTTTTTTTTTTTTTTTAAGACAGAGT

30 250 270 290
 TTTGCTTATGCGGAGGAGAAGTCCCCTTTGGACGTGCTGAAGAGAGCGGCCACCAAGAAG

35 GluGluLysSerProLeuAspValLeuLysArgAlaAlaThrLysLys

40 310 330 350
 AGCAGAAATGACCTGATCCACGCAGAGGAGGGAGAGGACCGGTTTGCAGATCTCTGTGCT

45 SerArgAsnAspLeuIleHisAlaGluGluGlyGluAspArgPheAlaAspLeuCysAla

50 370 390 410
 GTTGATCCCCCTTCGCCCGCGCCAGCCTCAAGAGCGGGAAGACAGAGCTCGTCATAC

55 ValGlySerProPheAlaArgAlaSerLeuLysSerGlyLysThrGluSerSerSerTyr

Sequenzprotokoll:
 Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

10	430	450	470
	TTCCGGAGGAAGGAGAAGATGTTCCGGTTTTTTATCCGGCGCATGGTGAAGGCTCAGAGC		
	PheArgArgLysGluLysMetPheArgPhePheIleArgArgMetValLysAlaGlnSer		
15			
	490	510	530
	TTCTACTGGGTGGTGTGTGCGTGGTGGCCCTGAACACACTGTGTGTGGCCATGGTGCAT		
20	PheTyrTrpValValLeuCysValValAlaLeuAsnThrLeuCysValAlaMetValHis		
	550	570	590
25	TACAACCAGCCGCGCGGCTTACCACGACCCTGTATTTTGCAGAGTTGTTTTCCTGGGT		
	TyrAsnGlnProArgArgLeuThrThrThrLeuTyrPheAlaGluPheValPheLeuGly		
	610	630	650
30	CTCTTCCTCACAGAGATGTCCCTGAAGATGTATGGCCTGGGGCCCAGAAGCTACTTCCGG		
	LeuPheLeuThrGluMetSerLeuLysMetTyrGlyLeuGlyProArgSerTyrPheArg		
	670	690	710
35	TCCTCCTTCAACTGCTTCGACTTTGGGGTCATCGTGGGGAGCGTCTTTGAAGTGGTCTGG		
	SerSerPheAsnCysPheAspPheGlyValIleValGlySerValPheGluValValTrp		
40			
	730	750	770
	GCGGCCATCAAGCCGGGAAGCTCCTTTGGGATCAGTGTGCTgCgGGCCCTCCGCCTGCTG		
45	AlaAlaIleLysProGlySerSerPheGlyIleSerValLeuArgAlaLeuArgLeuLeu		
	790	810	830
50	AGGATCTTCAAAGTCACGAAGTACTGGAGCTCCCTGCGGAACCTGGTGGTGTCCCTGCTG		
	ArgIlePheLysValThrLysTyrTrpSerSerLeuArgAsnLeuValValSerLeuLeu		
55			

Sequenzprotokoll:

5 Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 pR14-5.3.3.1, cont.

	850	870	890
15	AACTCCATGAAGTCCATCATCAGCCTGCTCTTCTTGCTCTTCCTGTTCAATTGTGGTCTTC		
	AsnSerMetLysSerIleIleSerLeuLeuPheLeuLeuPheLeuPheIleValValPhe		
	910	930	950
20	GCCCTGCTGGGGATGCAGCTGTTTGGGGGACAGTTCAACTCCAGGATGAGACTCCCACA		
	AlaLeuLeuGlyMetGlnLeuPheGlyGlyGlnPheAsnPheGlnAspGluThrProThr		
25	970	990	1010
	ACCAACTTCGACACCTTCCCTGCCGCCATCCTCACTGTCTTCCAGATCCTGACGGGAGAG		
30	ThrAsnPheAspThrPheProAlaAlaIleLeuThrValPheGlnIleLeuThrGlyGlu		
	1030	1050	1070
35	GACTGGAATGCAGTGATGTATCACGGGATCGAATCGCAAGGCGGCGTCAGCAAAGGCATG		
	AspTrpAsnAlaValMetTyrHisGlyIleGluSerGlnGlyGlyValSerLysGlyMet		
	1090	1110	1130
40	TTCTCGTCCTTtTACTTCATTGTCCTGACACTGTTTCGGAACTACACTCTGCTGAAtGTC		
	PheSerSerPheTyrPheIleValLeuThrLeuPheGlyAsnTyrThrLeuLeuAsnVal		
45	1150	1170	1190
	TTTCTGGCCATCGCTGTGGACAACCTGGCCAACGCCCAAGAGCTGACCAAGGATGAAGAG		
	PheLeuAlaIleAlaValAspAsnLeuAlaAsnAlaGlnGluLeuThrLysAspGluGlu		
50	1210	1230	1250
	GAGATGGAAGAAGCAGCCAATCAGAAGCTTGCTCTGCAAAAGGCCAAAGAAGTGGCTGAA		
55	GluMetGluGluAlaAlaAsnGlnLysLeuAlaLeuGlnLysAlaLysGluValAlaGlu		

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

	1270	1290	1310
15	GTCAGCCCCATGTCTGCCGCGAACATCTCCATCGCCGCGCAGCAGAACTCGGCCAAGGCG		
	ValSerProMetSerAlaAlaAsnIleSerIleAlaAlaGlnGlnAsnSerAlaLysAla		
	1330	1350	1370
20	CGCTCGGTGTGGGAGCAGCGGGCCAGCCAGCTACGGCTGCAGAACCTGCGGGCCAGCTGC		
	ArgSerValTrpGluGlnArgAlaSerGlnLeuArgLeuGlnAsnLeuArgAlaSerCys		
25	1390	1410	1430
	GAGGCGCTGTACAGCGAGATGGACCCCGAGgAGCGGCTGCGCTTCGCCACTACGCGCCAC		
30	GluAlaLeuTyrSerGluMetAspProGluGluArgLeuArgPheAlaThrThrArgHis		
	1450	1470	1490
35	CTGCGGCCCCGACATGAAGACGCACCTGGACCGGCCGCTGGTGGTGGAGCTGGGCCGCGAC		
	LeuArgProAspMetLysThrHisLeuAspArgProLeuValValGluLeuGlyArgAsp		
40	1510	1530	1550
	GGcGCGCGGGGGCCCGTGGGAGGCAAAGCCCGACCTGAGGCTGCGGAGGCCCCCGAGGGC		
	GlyAlaArgGlyProValGlyGlyLysAlaArgProGluAlaAlaGluAlaProGluGly		
45	1570	1590	1610
	GTCGACCCTCCGCGCAGGCACCACCGGCACCGCGACAAGGACAAGACCCCCGCGGCGGGG		
50	ValAspProProArgArgHisHisArgHisArgAspLysAspLysThrProAlaAlaGly		
	1630	1650	1670
55	GACCAGGACCGAGCAGAGGCCCCGAAGGCGGAGAGCGGGGAGCCCGGTGCCCCGGGAGGAG		
	AspGlnAspArgAlaGluAlaProLysAlaGluSerGlyGluProGlyAlaArgGluGlu		

Sequenzprotokoll:

5 Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 pR14.5.3.3.1, cont.

	1690	1710	1730
15	CGGCCGCGGCCCGACCGCAGCCACAGCAAGGAGGCCGCGGGGCCCCCGGAGGCGCGGAGC		
	ArgProArgProAspArgSerHisSerLysGluAlaAlaGlyProProGluAlaArgSer		
	1750	1770	1790
20	GAGCGCGGCCGAGGCCCGAGGCCCGAGGGCGGCCGCGGCACCACCGGCGCGGCTCCCCG		
	GluArgGlyArgGlyProGlyProGluGlyGlyArgArgHisHisArgArgGlySerPro		
25	1810	1830	1850
	GAGGAGGCGGCCGAGCGGGAGCCCCGACGCCACCGCGCGCACCGGCACCAGGATCCGAGC		
30	GluGluAlaAlaGluArgGluProArgArgHisArgAlaHisArgHisGlnAspProSer		
	1870	1890	1910
35	AAGGAGTGCGCCGCGCCAAGGGCGAGCGGCGCGCGCGGCACCAGCGCGGCCCCCGAGCG		
	LysGluCysAlaGlyAlaLysGlyGluArgArgAlaArgHisArgGlyGlyProArgAla		
	1930	1950	1970
40	GGGCCCCGGGAGGCGGAGAGCGGGGAGGAGCCGCGCGGGCGGCACCAGGGCCCCGCACAAG		
	GlyProArgGluAlaGluSerGlyGluGluProAlaArgArgHisArgAlaArgHisLys		
45	1990	2010	2030
	GCGCAGCCTGCTCACGAGGCTGTGGAGAAGGAGACCACGAGAGAAGGAGGCCACGGAGAAG		
	AlaGlnProAlaHisGluAlaValGluLysGluThrThrGluLysGluAlaThrGluLys		
50	2050	2070	2090
	GAGGCTGAGATAGTGGAAGCCGACAAGGAAAAGGAGCTCCGGAACCACCAGCCCCGGGAG		
55	GluAlaGluIleValGluAlaAspLysGluLysGluLeuArgAsnHisGlnProArgGlu		

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-.5.3.3.1, cont.

2110	2130	2150
CCACACTGTGACCTGGAGACCAGTGGGACTGTGACTGTGGGTCCCATGCACACTGCCC		
ProHisCysAspLeuGluThrSerGlyThrValThrValGlyProMetHisThrLeuPro		
2170	2190	2210
AGCACCTGTCTCCAGAAGGTGGAGGAACAGCCAGAGGATGCAGACAATCAGCGGAACGTC		
SerThrCysLeuGlnLysValGluGluGlnProGluAspAlaAspAsnGlnArgAsnVal		
2230	2250	2270
ACTCGCATGGGCAGTCAGCCCCAGACCCGAACACTATTGTACATATCCCAGTGATGCTG		
ThrArgMetGlySerGlnProProAspProAsnThrIleValHisIleProValMetLeu		
2290	2310	2330
ACGGGCCCTCTTGGGGAAGCCACGGTCGTTCCCAGTGGTAACGTGGACCTGGAAAGCCAA		
ThrGlyProLeuGlyGluAlaThrValValProSerGlyAsnValAspLeuGluSerGln		
2350	2370	2390
GCAGAGGGGAAGAAGGAGGTGGAAGCGGATGACGTGATGAGGAGCGGCCCCCGGCCTATC		
AlaGluGlyLysLysGluValGluAlaAspAspValMetArgSerGlyProArgProIle		
2410	2430	2450
GTCCCATACAGCTCCATGTTCTGTTTAAGCCCCACCAACCTGCTCCGCCGCTTCTGCCAC		
ValProTyrSerSerMetPheCysLeuSerProThrAsnLeuLeuArgArgPheCysHis		
2470	2490	2510
TACATCGTGACCATGAGGTACTTCGAGGTGGTCATTCTCGTGGTCATCGCCTTGAGCAGC		
TyrIleValThrMetArgTyrPheGluValValIleLeuValValIleAlaLeuSerSer		

Sequenzprotokoll:

5 Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 pR14-5.3.3.1, cont.

2530 2550 2570
 ATCGCCCTGGCTGCTGAGGAcCCAGTGCgCACAGACTCGCCCAGGAACAÄcGCTCTGAaA
 15 IleAlaLeuAlaAlaGluAspProValArgThrAspSerProArgAsnAsnAlaLeuLys

2590 2610 2630
 20 TACCTGGATtACATTTTCACTGGTGTCTTTACCTTTGAGATGGTGATAAÄGATGATCGAC
 TyrLeuAspTyrIlePheThrGlyValPheThrPheGluMetValIleLysMetIleAsp

2650 2670 2690
 25 TTGGGACTGCTGCTTCACCCTGGAGCCTATTTCCGGGACTTGTGGAACATTCTGGACTTC
 LeuGlyLeuLeuLeuHisProGlyAlaTyrPheArgAspLeuTrpAsnIleLeuAspPhe

2710 2730 2750
 30 ATTGTGGTCÄGTGGCGcCCTGGTGGCGTTtTGctTTCTCAGGATCCAAGGGaAAGACATC
 35 IleValValSerGlyAlaLeuValAlaPheAlaPheSerGlySerLysGlyLysAspIle

2770 2790 2810
 40 AATACCATCAAGTCTCTGAGAGTCCTTCGTGTcCTGCGGCCCCCTCAAGÄCCATCAAACGG
 AsnThrIleLysSerLeuArgValLeuArgValLeuArgProLeuLysThrIleLysArg

2830 2850 2870
 45 CTGCCCAAGCTCAAGGCTGTGTTTGACTGTGTGGTGAÄCTCCCTGAAGAÄTGTCTCAAC
 LeuProLysLeuLysAlaValPheAspCysValValAsnSerLeuLysAsnValLeuAsn

2890 2910 2930
 50 ATCTTGATTGTCTACATGCTCTTCATGTTcATATTTGCCGTcATTGCGGTGCAGCTCTTC
 55 IleLeuIleValTyrMetLeuPheMetPheIlePheAlaValIleAlaValGlnLeuPhe

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

2950 2970 2990
 AAAGGGAAGTTTTTCTACTGCACAGATGAATCCAAGGAGCTGGAGAGGGACTGCAGGGGT
 LysGlyLysPhePheTyrCysThrAspGluSerLysGluLeuGluArgAspCysArgGly

3010 3030 3050
 CAGTATTTGGATTATGAGAAGGAGGAAGTGGAAGCTCAGCCCAGGCAGTGGAAGAAATAC
 GlnTyrLeuAspTyrGluLysGluGluValGluAlaGlnProArgGlnTrpLysLysTyr

3070 3090 3110
 GACTTTCACACGACAATGTGCTCTGGGCTCTGCTGACGCTGTTACAGTGTCCACGGGA
 AspPheHisTyrAspAsnValLeuTrpAlaLeuLeuThrLeuPheThrValSerThrGly

3130 3150 3170
 GAAGGCTGGCCCATGGTGCTGAAACACTCCGTGGATGCCACCTATGAGGAGCAGGGTCCA
 GluGlyTrpProMetValLeuLysHisSerValAspAlaThrTyrGluGluGlnGlyPro

3190 3210 3230
 AGCCCTGGGTACCGCATGGAGCTGTCCATCTTCTACGTGGTCTACTTTGTGGTCTTTCCC
 SerProGlyTyrArgMetGluLeuSerIlePheTyrValValTyrPheValValPhePro

3250 3270 3290
 TTCTTCTTCGTCAACATCTTGTGGCTTTGATCATCATCACCTTCCAGGAGCAGGGGGAC
 PhePhePheValAsnIlePheValAlaLeuIleIleIleThrPheGlnGluGlnGlyAsp

3310 3330 3350
 AAGGTGATGTCTGAATGCAGCCTGGAGAAGAACGAGAGGGCTTGCAATTGACTTCGCCATC
 LysValMetSerGluCysSerLeuGluLysAsnGluArgAlaCysIleAspPheAlaIle

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

	3370	3390	3410
15	AGCGCCAAACCCCTGACACGGTACATGCCCAAACCGGCAGTCGTTCCAGTATAAGACg		
	SerAlaLysProLeuThrArgTyrMetProGlnAsnArgGlnSerPheGlnTyrLysThr		
	3430	3450	3470
20	TGGACATTTGTGGTCTCCCCGCCCTTTGAATACTTCATCATGGCCATGATaGCCCTCAAC		
	TrpThrPheValValSerProProPheGluTyrPheIleMetAlaMetIleAlaLeuAsn		
25	3490	3510	3530
	ACTGTGGTgCTgATgATGAAGTTCTATGATGCACCCTATGAGTACgAGCTGATGCTGAAA		
30	ThrValValLeuMetMetLysPheTyrAspAlaProTyrGluTyrGluLeuMetLeuLys		
	3550	3570	3590
35	TGCCTGAACATCGTGTTCAATCCATGTTCTCCATGGAATGCGTGCTGAAGATCATCGCC		
	CysLeuAsnIleValPheThrSerMetPheSerMetGluCysValLeuLysIleIleAla		
	3610	3630	3650
40	TTTgGGGTGCTGAACTATTTcAGAGATGCCTGGAATGTCTTTGACTTTGTCACTGTGTTg		
	PheGlyValLeuAsnTyrPheArgAspAlaTrpAsnValPheAspPheValThrValLeu		
45	3670	3690	3710
	GGAAGTATTACTGATATTTTAGTAACAGAGATtGCCGAAACGAACAATTTcATCAACCTc		
	GlySerIleThrAspIleLeuValThrGluIleAlaGluThrAsnAsnPheIleAsnLeu		
50	3730	3750	3770
	AGCTTCCTCCGcCTCTTTcGAGCTGNGCGGCTGATCAAGCTGCTCcGGCAGGGCTACACc		
55	SerPheLeuArgLeuPheArgAlaXxxArgLeuIleLysLeuLeuArgGlnGlyTyrThr		

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

3790	3810	3830
ATCCGCATCCTGCTGTGGACCTTTGTCCAGTCcTTCAAGGCCCTGCCCTACGTGTGTCTG		
IleArgIleLeuLeuTrpThrPheValGlnSerPheLysAlaLeuProTyrValCysLeu		
3850	3870	3890
CTCATTGCCATGCTGTTCTTCATCTACGCCATCATCGGCATGCAGGTGTTTGGAATATT		
LeuIleAlaMetLeuPhePheIleTyrAlaIleIleGlyMetGlnValPheGlyAsnIle		
3910	3930	3950
GCCCTGGATGATGACACCAGCATCAACCGCCACAACAACCTCCGGACGTTTTTGCAAGCC		
AlaLeuAspAspAspThrSerIleAsnArgHisAsnAsnPheArgThrPheLeuGlnAla		
3970	3990	4010
CTGATgCTGCTGTTTCAGGAGCGCCACGGGGGAGGCCTGGCACGAGATCATGCTGTCCTGC		
LeuMetLeuLeuPheArgSerAlaThrGlyGluAlaTrpHisGluIleMetLeuSerCys		
4030	4050	4070
CTGAGCAACCAGGCCTGTGATGAGCAGGCCAATGCCACCGAGTGTGGAAGTGACTTTGCC		
LeuSerAsnGlnAlaCysAspGluGlnAlaAsnAlaThrGluCysGlySerAspPheAla		
4090	4110	4130
TACTTCTACTTCGTCCTTCATCTTCCTGTGCTCCTTtCTGATGTTGAACCTCTTTGTG		
TyrPheTyrPheValSerPheIlePheLeuCysSerPheLeuMetLeuAsnLeuPheVal		
4150	4170	4190
GCTGTGATCATGGACAATTTTGAGTACCTCACGCGGGACTCTCCATCCTAGGTcCTCAC		
AlaValIleMetAspAsnPheGluTyrLeuThrArgAspSerSerIleLeuGlyProHis		

Sequenzprotokoll:
 5 Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 pR14-5.3.3.1, cont.

	4210	4230	4250
15	CACTTGGATGAGTTCATCCGGGTCTgGGCTGAATACGACCCGGctGcGTGTGGGCGCATC		
	HisLeuAspGluPheIleArgValTrpAlaGluTyrAspProAlaAlaCysGlyArgIle		
	4270	4290	4310
20	AGTTACAATGACATGTTTGAGATGCTGAAACACATGTCCCCGCCTCTGGGGCTGGGGAAG		
	SerTyrAsnAspMetPheGluMetLeuLysHisMetSerProProLeuGlyLeuGlyLys		
25	4330	4350	4370
	AAATGCCCTGCTCGAGTTGCTTACAAGCGCCTGGTTCGCATGAACATGCCCATCTCCAAC		
30	LysCysProAlaArgValAlaTyrLysArgLeuValArgMetAsnMetProIleSerAsn		
	4390	4410	4430
35	GAGGACATGACTGTTCACTTCACGTCCACGCTGATGGCCCTCATCCGGACGGCACTGGAG		
	GluAspMetThrValHisPheThrSerThrLeuMetAlaLeuIleArgThrAlaLeuGlu		
	4450	4470	4490
40	ATCAAGCTGGCCCCAGCTGGGACAAAGCAGCATCAGTGTGACGCGGAGTTGAGGAAGGAG		
	IleLysLeuAlaProAlaGlyThrLysGlnHisGlnCysAspAlaGluLeuArgLysGlu		
45	4510	4530	4550
	ATTTCCGTTGTGTGGGCCAATCTGCCCCAGAAGACTTTGGACTTGCTGGTACCACCCCAT		
	IleSerValValTrpAlaAsnLeuProGlnLysThrLeuAspLeuLeuValProProHis		
50	4570	4590	4610
	AAGCCTGATGAGATGACAGTGGGGAAGGTTTATGCAGCTCTGATGATATTTGACTTCTAC		
55	LysProAspGluMetThrValGlyLysValTyrAlaAlaLeuMetIlePheAspPheTyr		

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

4630 4650 4670
 AAGCAGAACA AAAACCACCAGAGACCAGATGCAGCAGGCTCCTGGAGGCCTCTCCCAGATg
 LysGlnAsnLysThrThrArgAspGlnMetGlnGlnAlaProGlyGlyLeuSerGlnMet
 4690 4710 4730
 GGTCTGTGTCCCTGTTCACCCCTCTGAAGGCCACCCTGGAGCAGACACAGCCGGCTGTg
 GlyProValSerLeuPheHisProLeuLysAlaThrLeuGluGlnThrGlnProAlaVal
 4750 4770 4790
 CTCCGAGGAGCCCGGGTTTTcCTTCGACAGAAGAGTTCCACCTCCCTCAGCAATGGCGGG
 LeuArgGlyAlaArgValPheLeuArgGlnLysSerSerThrSerLeuSerAsnGlyGly
 4810 4830 4850
 GCCATACAAAACCAAGAGAGTGGCATCAaAGAGTCTGTCTCCTGGGGCACTCAAAGGACC
 AlaIleGlnAsnGlnGluSerGlyIleLysGluSerValSerTrpGlyThrGlnArgThr
 4870 4890 4910
 CAGGATGCACCCCATGAGGCCAGGCCACCCCTGGAGCGTGGCCACTCCACAGAGATCCCT
 GlnAspAlaProHisGluAlaArgProProLeuGluArgGlyHisSerThrGluIlePro
 4930 4950 4970
 GTGGGGCGGTcAGGAGCACTGGCTGTGGACGTTcAGATGCAGAGCATAACCCGGAGGGGC
 ValGlyArgSerGlyAlaLeuAlaValAspValGlnMetGlnSerIleThrArgArgGly
 4990 5010 5030
 CCTGATGGGGAGCCCCAGCCTGGGCTGGAGAGCCAGGGTcGAGCGGCCTCCATGCCCCGC
 ProAspGlyGluProGlnProGlyLeuGluSerGlnGlyArgAlaAlaSerMetProArg

Sequenzprotokoll:

5 Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 pR14-5.3.3.1, cont.

	5050	5070	5090
15	CTTGCGGCCGAGACTCAGCCCGTCACAGATGCCAGCCCCATGAAGCGCTCCATCTCCACG		
	LeuAlaAlaGluThrGlnProValThrAspAlaSerProMetLysArgSerIleSerThr		
	5110	5130	5150
20	CTGGCCCAGCGGCCCGTGGGACTCATCTTTGCAGCACCACCCCGGACCGCCACCCCT		
	LeuAlaGlnArgProArgGlyThrHisLeuCysSerThrThrProAspArgProProPro		
25	5170	5190	5210
	AGCCAGGCGTCGTCGCACCACCACCACCACCGCTGCCACCGCCGCAGGGACAGGAAGCAG		
30	SerGlnAlaSerSerHisHisHisHisHisArgCysHisArgArgArgAspArgLysGln		
	5230	5250	5270
35	AGGTCCTTGAGAAGGGGCCAGCCTGTCTGCCGATATGGATGGCGCACCAAGCAGTGCT		
	ArgSerLeuGluLysGlyProSerLeuSerAlaAspMetAspGlyAlaProSerSerAla		
	5290	5310	5330
40	GTGGGGCCGGGGCTGCCCCGGGAGAGGGCCTACAGGCTGCCGGCGGGAACGAGAGCGC		
	ValGlyProGlyLeuProProGlyGluGlyProThrGlyCysArgArgGluArgGluArg		
45	5350	5370	5390
	CGGCAGGAGCGGGGCCGTCCCAGGAGCGGAGGCAGCCCTCATCCTCCTCGGAGAAG		
	ArgGlnGluArgGlyArgSerGlnGluArgArgGlnProSerSerSerSerSerGluLys		
50	5410	5430	5450
	CAGCGCTTCTACTCCTGCGACCGCTTTGGGGCCGTGAGCCCCGAAGCCCAAGCCCTCC		
55	GlnArgPheTyrSerCysAspArgPheGlyGlyArgGluProProLysProLysProSer		

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR14-5.3.3.1, cont.

5470	5490	5510
CTCAGCAGCCACCCAACGTCGCCAACAGCTGGCCAGGAGCCGGGACCCACCCACAGGGC		
LeuSerSerHisProThrSerProThrAlaGlyGlnGluProGlyProHisProGlnGly		
5530	5550	5570
AGTGGTTCCGTGAATGGGAGCCCCCTTGCTGTCAACATCTGGTGCTAGCACCCCGGCCcGC		
SerGlySerValAsnGlySerProLeuLeuSerThrSerGlyAlaSerThrProGlyArg		
5590	5610	5630
GGTGGGCGGAGGCAGCTCCCCAGACGCCCTGACTCCCCGCCCCAGCATCACCTACAAG		
GlyGlyArgArgGlnLeuProGlnThrProLeuThrProArgProSerIleThrTyrLys		
5650	5670	5690
ACGGCCAACCTCCTCACCCATCCACTTCGCCGGGGCTCAGACCAGCCTCCCTGCCTTCTCC		
ThrAlaAsnSerSerProIleHisPheAlaGlyAlaGlnThrSerLeuProAlaPheSer		
5710	5730	5750
CCAGGCCGGCTCAGCCGTGGGCTTTCCGAACACAACGCCCTGCTGCAGAGAGACCCCTC		
ProGlyArgLeuSerArgGlyLeuSerGluHisAsnAlaLeuLeuGlnArgAspProLeu		
5770	5790	5810
AGCCAGCCCCTGGCCCCCTGGCTCTCGAATTGGCTCTGACCCTTACCTGGGGCAGcGTCTG		
SerGlnProLeuAlaProGlySerArgIleGlySerAspProTyrLeuGlyGlnArgLeu		
5830	5850	5870
GACAGTGAGGCCTCTGTCCACGCCCTGCCTGAGGACACGCTCACTTTCGAGGAGGCTGTG		
AspSerGluAlaSerValHisAlaLeuProGluAspThrLeuThrPheGluGluAlaVal		

Sequenzprotokoll:

5 Sequenz Nr.: 27980/11
 Int. Code: pR14-5.3.3.1, entire clone
 Länge: 6232 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10

pR14-5.3.3.1, cont.

15

5890

5910

5930

GCCACCAACTCGGGCCGCTCCTCCAGGACTTCCTACGTGTCCTCCCTGACCTCCCAGTCT
 AlaThrAsnSerGlyArgSerSerArgThrSerTyrValSerSerLeuThrSerGlnSer

20

5950

5970

5990

CACCTCTCCGCCGCGTGCCCAACGGTTACCACTGCACCTGGGACTCAGCTCGGGTGGC
 HisProLeuArgArgValProAsnGlyTyrHisCysThrLeuGlyLeuSerSerGlyGly

25

6010

6030

6050

CGAGCACGGCACAGCTACCACCACCTGACCAAGACCACTGGTGCTAGCTGCACCGTGAC
 ArgAlaArgHisSerTyrHisHisProAspGlnAspHisTrpCysEnd

30

6070

6090

6110

CGCTCAGACGCCTGCATGCAGCAGGCGTGTGTTCCAGTGGATGAGTTTTATCATCCACAC

35

6130

6150

6170

GGGGCAGTCGGCCCTCGGGGGAGGCCTTGCCACCTTGGTGAGGCTCCTGTGGCCCTCTCC

40

6190

6210

6230

CTCCCCCTCCTCCCCTCTTTTACTCTAGACGACGAATAAAGCCCTGTTAGAG

45

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/12
 Int. Code: pCA3
 Länge: 2.980 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

10 30 50
 GAATTCTCAATCTCTCATCTTATGCAAAAATCAACTCAAGATGGATCAAAAGACCTAAAT
 GluPheSerIleSerHisLeuMetGlnLysSerThrGlnAspGlySerLysAspLeuAsn

70 90 110
 CCAAGACCTGAAACCATAAAGATACTAGAAAGGTAACATCAGAATAATCTTCAAGACATTG
 ProArgProGluThrIleLysIleLeuGluGlyAsnIleArgIleIlePheLysThrLeu

130 150 170
 GCTTAGGCAAAGACTTTTTGACCAAAAACCCAAAAGAACAACAAACCAGAAGTCAACCAG
 AlaEndAlaLysThrPheEndProLysThrGlnLysAsnAsnLysProGluValAsnGln

190 210 230
 ATAGCCAACAGTGACAACAAGGTTACAATTGATGACTATAGAGAAGAGGATGAAGACAAG
 IleAlaAsnSerAspAsnLysValThrIleAspAspTyrArgGluGluAspGluAspLys

250 270 290
 GACCCCTATCCGCTTGCGATGTGCCAGTAGGGGAAGAGGAAGAGGAAGAGGAGGAGGAT
 AspProTyrProProCysAspValProValGlyGluGluGluGluGluGluGluGluAsp

310 330 350
 GAACCTGAGGTTCTCTGCCGACCCCGTCTCGAAGGATCTCGGAGTTGAACATGAAGGAA
 GluProGluValProAlaGlyProArgProArgArgIleSerGluLeuAsnMetLysGlu

370 390 410
 AAAATTGCCCCCATCCCTGAAGGGAGCGCTTTCTTCATTCTTAGCAAGACCAACCCGATC
 LysIleAlaProIleProGluGlySerAlaPhePheIleLeuSerLysThrAsnProIle

430 450 470
 CGCGTAGGCTGCCACAAGCTCATCAACCACACATCTTCACCAACCTCATCCTTGTCTTC
 ArgValGlyCysHisLysLeuIleAsnHisHisIlePheThrAsnLeuIleLeuValPhe

490 510 530
 ATCATGCTGAGCAGCGCTGCCCTGGCCGCAGAGGACCCCATCCGCAGCCACTCCTTCCGG
 IleMetLeuSerSerAlaAlaLeuAlaAlaGluAspProIleArgSerHisSerPheArg

550 570 590
 AACACGATACTGGGTTACTTTGACTATGCCTTCACAGCCATCTTTACTGTTGAGATCCTG
 AsnThrIleLeuGlyTyrPheAspTyrAlaPheThrAlaIlePheThrValGluIleLeu

610 630 650
 TTGAAGATGACAACTTTTGGAGCTTTCTCTCCACAAAGGGGCCTTCTGCAGGAACTACTTC
 LeuLysMetThrThrPheGlyAlaPheLeuHisLysGlyAlaPheCysArgAsnTyrPhe

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/12

Int. Code: pCA3

Länge: 2.980 bp

Typ: DNA + Aminosäure

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

670 690 710
 AATTGCTGGATATGCTGGTGGTGGGGTGTCTCTGGTGTCAATTTGGGATTCAATCCAGT
 AsnLeuLeuAspMetLeuValValGlyValSerLeuValSerPheGlyIleGlnSerSer

730 750 770
 GCCATCTCCGTTGTGAAGATTCTGAGGGTCTTAAGGGTCCTGCGTCCCCCAGGGGCCATC
 AlaIleSerValValLysIleLeuArgValLeuArgValLeuArgProLeuArgAlaIle

790 810 830
 AACAGAGCAAAGGACTTAAGCACGTGGTCCAGTGCCTTCGTGGCCATCCGGACCATC
 AsnArgAlaLysGlyLeuLysHisValValGlnCysValPheValAlaIleArgThrIle

850 870 890
 GGCAACATCATGATCGTCACCAACCTCCTGCAGTTCATGTTGCCTGTATCGGGGTCCAG
 GlyAsnIleMetIleValThrThrLeuLeuGlnPheMetPheAlaCysIleGlyValGln

910 930 950
 TTGTTCAAGGGGAAGTTCTATCGCTGTACGGATGAAGCCAAAAGTAACCCCTGTTGAATGC
 LeuPheLysGlyLysPheTyrArgCysThrAspGluAlaLysSerAsnProValGluCys

970 990 1010
 AGGGGACTTTTCATCCTCTACAAGGATGGGGATGTTGACAGTGGTGTGGTCCGTGAACGG
 ArgGlyLeuPheIleLeuTyrLysAspGlyAspValAspSerGlyValValArgGluArg

1030 1050 1070
 ACTCGGCAAAACAGTGATTTCAACTTCGACAACGTCCTCTCTGCTATGATGGCGCTCTTC
 ThrArgGlnAsnSerAspPheAsnPheAspAsnValLeuSerAlaMetMetAlaLeuPhe

1090 1110 1130
 ACAGTCTCCACGTTTGAGGGCTGGCCTCGGTTGCTGTATAAAGCCATCGACTCGAATGGA
 ThrValSerThrPheGluGlyTrpProArgLeuLeuTyrLysAlaIleAspSerAsnGly

1150 1170 1190
 GAGAACATCGGCCCAATCTACAACCACCGCTGGAGATCTCCATCTTCTTCATCATCTAC
 GluAsnIleGlyProIleTyrAsnHisArgValGluIleSerIlePhePheIleIleTyr

1210 1230 1250
 ATCATCATTGTAGCTTTCTTCATGATGAACATCTTTGTGGGCTTTGTCAATCGTTACATTT
 IleIleIleValAlaPhePheMetMetAsnIlePheValGlyPheValIleValThrPhe

1270 1290 1310
 CAGGAACAAGGAGAAAAAGAGTATAAGAACTGTGAGCTGGACAAAATCAGCGTCAGTGT
 GlnGluGlnGlyGluLysGluTyrLysAsnCysGluLeuAspLysAsnGlnArgGlnCys

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/12
 Int. Code: pCA3
 Länge: 2.980 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

1330 1350 1370
 10 GTTGAATACGCCTTGAAAGCACGTCCTTTGCGGAGATACATCCCCAAAAACCCCTACCA
 ValGluTyrAlaLeuLysAlaArgProLeuArgArgTyrIleProLysAsnProTyrGln
 1390 1410 1430
 15 TACAAGTTCTGGTACGCGGCGAACTCTTCGCCTTTCGAATACATGATGTTTGTCTCATC
 TyrLysPheTrpTyrAlaAlaAsnSerSerProPheGluTyrMetMetPheValLeuIle
 1450 1470 1490
 20 ATGCTCAACACACTCTGCTTGGCCATGCAGCACTACGAGCAGTCCAAGATGTTCAATGAT
 MetLeuAsnThrLeuCysLeuAlaMetGlnHisTyrGluGlnSerLysMetPheAsnAsp
 1510 1530 1550
 25 GCCATGGACATTCTGAACATGGTCTTCACCGGGGTGTTACCGTCGAGATGGTTTTGAAA
 AlaMetAspIleLeuAsnMetValPheThrGlyValPheThrValGluMetValLeuLys
 1570 1590 1610
 30 GTCATCGCATTTAAGCCTAAGGGGTATTTTAGTGACGCCTGGAACACGTTTAGCTCCCTC
 ValIleAlaPheLysProLysGlyTyrPheSerAspAlaTrpAsnThrPheSerSerLeu
 1630 1650 1670
 ATCGTAATCGGCAGCATTATAGACGTCGCCCTCAGCGAAGCAGACCACTATTTCACTGAT
 IleValIleGlySerIleIleAspValAlaLeuSerGluAlaAspHisTyrPheThrAsp
 1690 1710 1730
 35 GCATGGAACACTTTTGATGCCTTAATTGTTGTTGGTAGCGTCGTTGATATTGCTATAACT
 AlaTrpAsnThrPheAspAlaLeuIleValValGlySerValValAspIleAlaIleThr
 1750 1770 1790
 40 GAAGTGAATCCAAGTGAAGTGAAAATGTCCCTGTCCCAACTGCTACACCTGGGAACTCT
 GluValAsnProThrGluSerGluAsnValProValProThrAlaThrProGlyAsnSer
 1810 1830 1850
 45 GAAGAGAGCAATAGAACTCTCCATCACCTTTTCCGTCTTTCCGAGTGATGCGATTGGTG
 GluGluSerAsnArgIleSerIleThrPhePheArgLeuPheArgValMetArgLeuVal
 1870 1890 1910
 50 AAGCTTCTCAGCAGGGGGGAAGGCATCCGGACATTGCTGTGGACTTTTATTAAGTCCTTT
 LysLeuLeuSerArgGlyGluGlyIleArgThrLeuLeuTrpThrPheIleLysSerPhe
 1930 1950 1970
 55 CAGGCGCTCCCGTATGTGGCCCTCCTCATAGCCATGCTGTTCTTCATCTATGCGGTCATT
 GlnAlaLeuProTyrValAlaLeuLeuIleAlaMetLeuPhePheIleTyrAlaValIle

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/12
 Int. Code: pCA3
 Länge: 2.980 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

1990 2010 2030
 GGCATGCAGATGTTTGGGAAAGTTGCCATGAGAGATAACAACCAGATCAATAGGAACAAT
 GlyMetGlnMetPheGlyLysValAlaMetArgAspAsnAsnGlnIleAsnArgAsnAsn

2050 2070 2090
 AACTTCCAGACGTTTCCCCAGGCGGTGCTGCTGCTCTTCAGGTGTGCAACAGGTGAGGCC
 AsnPheGlnThrPheProGlnAlaValLeuLeuLeuPheArgCysAlaThrGlyGluAla

2110 2130 2150
 TGGCAGGAGATCATGCTGGCCTGTCTCCCAGGGAAGCTCTGTGACCCTGAGTCAGATTAC
 TrpGlnGluIleMetLeuAlaCysLeuProGlyLysLeuCysAspProGluSerAspTyr

2170 2190 2210
 AACCCCGGGGAGGAGTATACATGTGGGAGCAACTTTGCCATTGTCTATTTTCATCAGTTTT
 AsnProGlyGluGluTyrThrCysGlySerAsnPheAlaIleValTyrPheIleSerPhe

2230 2250 2270
 TACATGCTCTGTGCATTTCTGATCATCAATCTGTTTGTGGCTGTCATCATGGATTAATTC
 TyrMetLeuCysAlaPheLeuIleIleAsnLeuPheValAlaValIleMetAspAsnPhe

2290 2310 2330
 GACTATCTGACCCGGGACTGGTCTATTTTGGGGCCTCACCATTAGATGAATTCAAAGA
 AspTyrLeuThrArgAspTrpSerIleLeuGlyProHisHisLeuAspGluPheLysArg

2350 2370 2390
 ATATGGTCAGAATATGACCCTGAGGCAAAGGGAAGGATAAAACACCTTGATGTGGTCACT
 IleTrpSerGluTyrAspProGluAlaLysGlyArgIleLysHisLeuAspValValThr

2410 2430 2450
 CTGCTTCGACGCATCCAGCCTCCCCTGGGGTTTGGGAAGTTATGTCCACACAGGGTAGCG
 LeuLeuArgArgIleGlnProProLeuGlyPheGlyLysLeuCysProHisArgValAla

2470 2490 2510
 TGCAAGAGATTAGTTGCCATGAACATGCCTCTCAACAGTGACGGGACAGTCATGTTTAAAT
 CysLysArgLeuValAlaMetAsnMetProLeuAsnSerAspGlyThrValMetPheAsn

2530 2550 2570
 GCAACCCTGTTTGCTTTGGTTTGAACGGCTCTTAAGATCAAGACCGAAGGGAACCTGGAG
 AlaThrLeuPheAlaLeuValArgThrAlaLeuLysIleLysThrGluGlyAsnLeuGlu

2590 2610 2630
 CAAGCTAATGAAGAACTTCGGGCTGTGATAAAGAAAATTTGGAAGAAAACCATGAAA
 GlnAlaAsnGluGluLeuArgAlaValIleLysLysIleTrpLysLysThrSerMetLys

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/12
 Int. Code: pCA3
 Länge: 2.980 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 2650 2670 2690
 TTACTTGACCAAGTTGTCCCTCCAGCTGGTGATGATGAGGTAACCGTGGGGAAGTTCTAT
 LeuLeuAspGlnValValProProAlaGlyAspAspGluValThrValGlyLysPheTyr

15 2710 2730 2750
 GCCACTTTCCTGATACAGGACTACTTTAGGAAATTCAAGAAACGGAAAGACAAGGACTG
 AlaThrPheLeuIleGlnAspTyrPheArgLysPheLysLysArgLysGluGlnGlyLeu

20 2770 2790 2810
 GTGGGAAAGATCCCTGCGAAGAACACCACAATTGCCCTACAGGCGGGATTAAAGGACACTG
 ValGlyLysIleProAlaLysAsnThrThrIleAlaLeuGlnAlaGlyLeuArgThrLeu

25 2830 2850 2870
 CATGACATTGGGCCAGAAATCCGGCGTGCTATATCGTGTGATTTGCAAGATGACGAGCCT
 HisAspIleGlyProGluIleArgArgAlaIleSerCysAspLeuGlnAspAspGluPro

30 2890 2910 2930
 GAGGAAACAAAACGAGAAGAAGAAGATGATGTGTTCAAAGTAATTATTCACGCCTAGCT
 GluGluThrLysArgGluGluGluAspAspValPheLysValIleIleProArgLeuAla

35 2950 2970
 ACACACTGGCCATCTGGAAATAGCAGGGCAGGCCGAATTC
 ThrHisTrpProSerGlyAsnSerArgAlaGlyArgIle

40

45

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/13
 Int. Code: pCA9.3
 Länge: 1.857 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 10 30 50
 TCAAAGGAAAGAGAGAAGGCAAAAGCACGGGGAGATTTCAGAAAGCTCCGGGAGAAGCAG
 SerLysGluArgGluLysAlaLysAlaArgGlyAspPheGlnLysLeuArgGluLysGln
 10
 70 90 110
 CAGCTGGAGGAGGATCTAAAGGGCTACTTGGATTGGATCACCCAAGCTGAGGACATCGAT
 GlnLeuGluGluAspLeuLysGlyTyrLeuAspTrpIleThrGlnAlaGluAspIleAsp
 15
 130 150 170
 CCGGAGAATGAGGAAGAAGGAGGAGAGGAAGGCAAACGAAATACTAGCATGCCACCAGC
 ProGluAsnGluGluGluGlyGlyGluGluGlyLysArgAsnThrSerMetProThrSer
 20
 190 210 230
 GAGACTGAGTCTGTGAACACAGAGAACGTCAGCGGTGAAGGCGAGAACCGAGGCTGCTGT
 GluThrGluSerValAsnThrGluAsnValSerGlyGluGlyGluAsnArgGlyCysCys
 25
 250 270 290
 GGAAGTCTCTGGTGCTGGTGGAGACGGAGAGGCGCGGCAAGGCGGGGCCCTCTGGTGTCGG
 GlySerLeuTrpCysTrpTrpArgArgArgGlyAlaAlaArgArgGlyLeuTrpCysArg
 30
 310 330 350
 CGGTGGGGTCAAGCCATCTCAAATCCAAACTCAGCCGACGCTGGCGCTGGAACCGATTCT
 ArgTrpGlyGlnAlaIleSerLysSerLysLeuSerArgArgTrpArgTrpAsnArgPhe
 35
 370 390 410
 AATCGCAGAAGATGTAGGGCCGCCGTGAAGTCTGTACAGTCTTTACTGGCTGGTTATCGTC
 AsnArgArgArgCysArgAlaAlaValLysSerValThrPheTyrTrpLeuValIleVal
 40
 430 450 470
 CTGGTGTTTCTGAACACCTTAACCATTTCTCTGAGCACTACAATCAGCCGAGTTGGTTG
 LeuValPheLeuAsnThrLeuThrIleSerSerGluHisTyrAsnGlnProSerTrpLeu
 45
 490 510 530
 ACACAGATTCAAGATATTGCCAACAAGTCCTCTTGGCTCTGTTCACCTGCGAGATGCTG
 ThrGlnIleGlnAspIleAlaAsnLysValLeuLeuAlaLeuPheThrCysGluMetLeu
 50
 550 570 590
 GTAAAAATGTACAGCTTGGGCCTCCAAGCATATTTTCATCTCTCTTTTCAACCGGTTTGAT
 ValLysMetTyrSerLeuGlyLeuGlnAlaTyrPheIleSerLeuPheAsnArgPheAsp
 55
 610 630 650
 TGCTTCGTGGTGTGTGGTGGAAATCACTGAGACGATCTTGGTGGAACTGGAAATCATGTCT
 CysPheValValCysGlyGlyIleThrGluThrIleLeuValGluLeuGluIleMetSer

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/13
 Int. Code: pCA9.3
 Länge: 1.857 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5
 10 670 690 710
 CCCCTGGGGATCTCTGTGTTTCGGTGTGTGCGCCTCTTAAGAATCTTCAAAGTGACCAGG
 ProLeuGlyIleSerValPheArgCysValArgLeuLeuArgIlePheLysValThrArg
 15 730 750 770
 CACTGGACTTCCCTGAGCAACTTAGTGGCCTCCTTATTAACTCCATGAAGTCCATCGCT
 HisTrpThrSerLeuSerAsnLeuValAlaSerLeuLeuAsnSerMetLysSerIleAla
 20 790 810 830
 TCGCTGTTGCTTCTGCTTTTCTCTTCATTATCATCTTTTCTTGCTTGGGATGCAGCTG
 SerLeuLeuLeuLeuLeuPheLeuPheIleIleIlePheSerLeuLeuGlyMetGlnLeu
 25 850 870 890
 TTTGGCGGCAAGTTTAATTTTGATGAAACGCAAACCAAGCAAGCAGCCTTTGACAATTTCT
 PheGlyGlyLysPheAsnPheAspGluThrGlnThrLysGlnAlaAlaPheAspAsnPhe
 30 910 930 950
 CCTCAAGCACTTCTCACAGTGTTCAGATCCTGACAGGCGAAGACTGGAATGCTGTGATG
 ProGlnAlaLeuLeuThrValPheGlnIleLeuThrGlyGluAspTrpAsnAlaValMet
 35 970 990 1010
 TACGATGGCATCATGGCTTACGGGGGCCCCATCCTCTTCAGGAATGATCGTCTGCATCTAC
 TyrAspGlyIleMetAlaTyrGlyGlyProSerSerSerGlyMetIleValCysIleTyr
 40 1030 1050 1070
 TTCATCATCCTCTTCATTTGTGGTAACATATTCTACTGAATGTCTTCTTGGCCATCGCT
 PheIleIleLeuPheIleCysGlyAsnTyrIleLeuLeuAsnValPheLeuAlaIleAla
 45 1090 1110 1130
 GTAGACAATTTGGCTGATGCTGAAAGTCTGAACACTGCTCAGAAAGAAGAAGCGGAAGAA
 ValAspAsnLeuAlaAspAlaGluSerLeuAsnThrAlaGlnLysGluGluAlaGluGlu
 50 1150 1170 1190
 AAGGAGAGGAAAAAGATTGCCAGAAAAGAGAGCCTAGAAAATAAAAAGAACAACAACCA
 LysGluArgLysLysIleAlaArgLysGluSerLeuGluAsnLysLysAsnAsnLysPro
 55 1210 1230 1250
 GAAGTCAACCAGATAGCCAACAGTGACAACAAGGTTACAATTGATGACTATAGAGAAGAG
 GluValAsnGlnIleAlaAsnSerAspAsnLysValThrIleAspAspTyrArgGluGlu

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/13
 Int. Code: pCA9.3
 Länge: 1.857 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

1270 1290 1310
 GATGAAGACAAGGACCCCTATCCGCCTTGCGATGTGCCAGTAGGGGAAGAGGAAGAGGAA
 AspGluAspLysAspProTyrProProCysAspValProValGlyGluGluGluGluGlu

1330 1350 1370
 GAGGAGGAGGATGAACCTGAGGTTCTGCCGGACCCCGTCCTCGAAGGATCTCGGAGTTG
 GluGluGluAspGluProGluValProAlaGlyProArgProArgArgIleSerGluLeu

1390 1410 1430
 AACATGAAGGAAAAAATTGCCCCATCCCTGAAGGGAGCGCTTTCTTCATTCTTAGCAAG
 AsnMetLysGluLysIleAlaProIleProGluGlySerAlaPhePheIleLeuSerLys

1450 1470 1490
 ACCAACCCGATCCGCGTAGGCTGCCACAAGCTCATCAACCACCACATCTTCACCAACCTC
 ThrAsnProIleArgValGlyCysHisLysLeuIleAsnHisHisIlePheThrAsnLeu

1510 1530 1550
 ATCCTTGTCTTCATCATGCTGAGCAGCGCTGCCCTGGCCGCAGAGGACCCCATCCGCAGC
 IleLeuValPheIleMetLeuSerSerAlaAlaLeuAlaAlaGluAspProIleArgSer

1570 1590 1610
 CACTCCTTCCGGAACACGATACTGGGTACTTTGACTATGCCTTCACAGCCATCTTTACT
 HisSerPheArgAsnThrIleLeuGlyTyrPheAspTyrAlaPheThrAlaIlePheThr

1630 1650 1670
 GTTGAGATCCTGTTGAAGATGACAACCTTTGGAGCTTCCCTCCACAAAGGGGCCTTCTGC
 ValGluIleLeuLeuLysMetThrThrPheGlyAlaPheLeuHisLysGlyAlaPheCys

1690 1710 1730
 AGGAACTACTTCAATTTGCTGGATATGCTGGTGGTGGGGTGTCTCTGGTGTCAATTTGGG
 ArgAsnTyrPheAsnLeuLeuAspMetLeuValValGlyValSerLeuValSerPheGly

1750 1770 1790
 ATTCAATCCAGTGCCATCTCCGTTGTGAAGATTCTGAGGGTCTTAAGGGTCCTGCGTCCC
 IleGlnSerSerAlaIleSerValValLysIleLeuArgValLeuArgValLeuArgPro

1810 1830 1850
 CTCAGGGCCATCAACAGAGCAAAAGGACTTAAGCACGTGGTCCAGTGCGTCTTCGTG
 LeuArgAlaIleAsnArgAlaLysGlyLeuLysHisValValGlnCysValPheVal

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/14
 Int. Code: p1247-4.2.1.1 entire clone
 Länge: 920 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 50
 ATTTCCGCNATGCCTGGAACATCTTCGACTTTGTGACTGTTCTGGGCAGCATCACCGATATC
 PheArgXxxAlaTrpAsnIlePheAspPheValThrValLeuGlySerIleThrAspIle

70 90 110
 CTCGTGACTGAGTTTGGGAATCCGAATAACTTCATCAACCTGAGCTTCTCCGnnnnTTC
 LeuValThrGluPheGlyAsnProAsnAsnPheIleAsnLeuSerPheLeuArgXxxPhe

130 150 170
 CGAGCTGCCCGGctcATCAAACCTTCTCCGTCAGGGTTACACCATCCGcATTCTTCTCTGG
 ArgAlaAlaArgLeuIleLysLeuLeuArgGlnGlyTyrThrIleArgIleLeuLeuTrp

190 210 230
 ACCTTTGTGCAGTCCTTCAAGGCCCTGCCTTATGTCTGTCTGCTGATCGCCATGCTCTTC
 ThrPheValGlnSerPheLysAlaLeuProTyrValCysLeuLeuIleAlaMetLeuPhe

250 270 290
 TTCATCTATGCCATCATTTGGGATGCAGGTGTTTGGTAACATTGGCATCGACGTGGAGGAC
 PheIleTyrAlaIleIleGlyMetGlnValPheGlyAsnIleGlyIleAspValGluAsp

310 330 350
 GAGGACAGTGATGAAGATGAGTTCCAAATCACTGAGCACAATAACTTCCGGACCTTCTTC
 GluAspSerAspGluAspGluPheGlnIleThrGluHisAsnAsnPheArgThrPhePhe

370 390 410
 CAGGCCCCTCATGCTTCTCTTCCGGAGTGCCACCGGGGAAGCTTGGCACAACATCATGCTT
 GlnAlaLeuMetLeuLeuPheArgSerAlaThrGlyGluAlaTrpHisAsnIleMetLeu

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/14
 Int. Code: p1247-4.2.1.1 entire clone
 Länge: 920 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

430	450	470
TCCTGCCTCAGCGGGAAACCGTGTGATAAGAACTCTNGCATCCTGACTCGAGAGTGTGGC		
SerCysLeuSerGlyLysProCysAspLysAsnSerXxxIleLeuThrArgGluCysGly		
490	510	530
AATGAATTTGCTTATTTTactTTTGTTCCTTCATCTTCCTCTGCTCGTTTCTGATGCTG		
AsnGluPheAlaTyrPheTyrPheValSerPheIlePheLeuCysSerPheLeuMetLeu		
550	570	590
AATCTCTTTGTGCGCGTCATCATGGACAACTTTGAGTACCTCACCCGAGACTCCTCCATC		
AsnLeuPheValAlaValIleMetAspAsnPheGluTyrLeuThrArgAspSerSerIle		
610	630	650
CTGGGCCCCCACCACCTGGATGAGTACGTGCGTGTCTGGGCCGAGTATGACCCCGCAGCT		
LeuGlyProHisHisLeuAspGluTyrValArgValTrpAlaGluTyrAspProAlaAla		
670	690	710
TGGGGCCGCATGCCTTACCTGGACATGTATCAGATGcTGAGACACATGTCTCCGNcCCTG		
TrpGlyArgMetProTyrLeuAspMetTyrGlnMetLeuArgHisMetSerProXxxLeu		
730	750	770
GGTCTGGGGAAGAAGTGTCCGGcCAGAGTGGCTTACAAGCGGCTTCTGCGGATGGACCTG		
GlyLeuGlyLysLysCysProAlaArgValAlaTyrLysArgLeuLeuArgMetAspLeu		
790	810	830
CCCGTCGCAGATGACAAcACCGTCCACTTCAATTCCACCCTCATGGCTCTGATCCGCACA		
ProValAlaAspAspAsnThrValHisPheAsnSerThrLeuMetAlaLeuIleArgThr		

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/14
 Int. Code: p1247-4.2.1.1 entire clone
 Länge: 920 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

5

10

850 870 890
 GCCCTGGACATCAAGATTGCCAAGGGAGGAGCCGACAAACAGCAGATGGACGCTGAGCTG
 AlaLeuAspIleLysIleAlaLysGlyGlyAlaAspLysGlnGlnMetAspAlaGluLeu

15

910
 CGGAAGGAGATGATGGCG
 ArgLysGluMetMetAla

20

25

30

35

40

45

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/15
Int. Code: pR5-6cort, entire clone
Länge: 1424 bp
Typ: DNA + Aminosäure

10
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55

10 30 50
GGGCGAAGCTACCATCTGTGGGATTATGACTGAACGCCTCTAAGTCAGAATCCCGCCCCAGGC
LeuAsnAlaSerLysSerGluSerArgProGly

70 90 110
GGAACGATACGGCAGCGCCGCGGAGCCTCGGTTGGCCTCACGGTTAACCGGTCTCTCTTC
GlyThrIleArgGlnArgArgGlyAlaSerValGlyLeuThrValAsnArgSerLeuPhe

130 150 170
CTCTTCAGCGAAGACAACGTGGTGAGAAAATACGCCAAAAGATCACCGAATGGCCTCCC
LeuPheSerGluAspAsnValValArgLysTyrAlaLysLysIleThrGluTrpProPro

190 210 230
TTTGAATATATGATTTTACCCACCATCATAGCGAATTGCATCGTCCTCGCACTGGAGCAG
PheGluTyrMetIleLeuAlaThrIleIleAlaAsnCysIleValLeuAlaLeuGluGln

250 270 290
CATCTGCCTGATGATGACAAGACCCCGATGTCTGAACGGCTGGATGACACAGAACCATAC
HisLeuProAspAspAspLysThrProMetSerGluArgLeuAspAspThrGluProTyr

310 330 350
TTCATTGGAATTTTTTGTTCGAGGCTGGAATTAAAAATCATTGCCCTTGGGTTTGCCTTC
PheIleGlyIlePheCysPheGluAlaGlyIleLysIleIleAlaLeuGlyPheAlaPhe

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/15
 Int. Code: pR5-6cont, entire clone
 Länge: 1424 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR5-6cont, cont.

370 390 410
 CACAAAGGCTCCTACTTGAGGAATGGCTGGAATGTCATGGACTTTGTGGTGGTGCTAACG
 HisLysGlySerTyrLeuArgAsnGlyTrpAsnValMetAspPheValValValLeuThr

430 450 470
 GGCATCTTGGCGACAGTTGGGACGGAGTTTGACCTACGGACGCTGAGGGCAGTTCGAGTG
 GlyIleLeuAlaThrValGlyThrGluPheAspLeuArgThrLeuArgAlaValArgVal

490 510 530
 CTGCNNCCGCTCAAGCTGGTGTCTGGAATCCCAAgTTTACAAGTCGTCTGAAGTCGATC
 LeuXxxProLeuLysLeuValSerGlyIleProSerLeuGlnValValLeuLysSerIle

550 570 590
 ATGAAGGCGATGATCCCTTTNCTGCAGATCGgCCTCCTCCTATTTTTTNCAATCCTTATT
 MetLysAlaMetIleProXxxLeuGlnIleGlyLeuLeuLeuPhePheXxxIleLeuIle

610 630 650
 TTTgCAATCATAGGGTTAGAATTTTATATGGgAAAATTTTCATACCACCTGCTTTGAAGAG
 PheAlaIleIleGlyLeuGluPheTyrMetGlyLysPheHisThrThrCysPheGluGlu

670 690 710
 GGGACAGATGACATTCAGGGTGAGTCTCCGGCTCCATGTGGGACAGAAGAGCCCCGCCCGC
 GlyThrAspAspIleGlnGlyGluSerProAlaProCysGlyThrGluGluProAlaArg

730 750 770
 ACCTGCCCAATGGGACCAAATGTCAGCCCTACTGGGAAGGGCCCAACAACGGGATCACT
 ThrCysProAsnGlyThrLysCysGlnProTyrTrpGluGlyProAsnAsnGlyIleThr

Sequenzprotokoll:
 5 Sequenz Nr.: 27980/15
 Int. Code: pR5-6cort, entire clone
 Länge: 1424 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 pR5-6cort, cont.

	790	810	830
15	CAGTTCGACAACATCCTGTTTGCAGTGCTGACTGTTTTCCAGTGCATAACCATGGAAGGG		
	GlnPheAspAsnIleLeuPheAlaValLeuThrValPheGlnCysIleThrMetGluGly		
	850	870	890
20	TGGACTGATCTCCTCTACAATAGCAACGATgCCTCAGGGAACACTTGGAACTGGTTGTAC		
	TrpThrAspLeuLeuTyrAsnSerAsnAspAlaSerGlyAsnThrTrpAsnTrpLeuTyr		
25	910	930	950
	TTCATCCCCCTCATCATCATCGGCTCCTTTTTTATGCTGAACCTTGTGCTGGGTGTGCTG		
30	PheIleProLeuIleIleIleGlySerPhePheMetLeuAsnLeuValLeuGlyValLeu		
	970	990	1010
35	TCAGGGGgAGTTTGCCAAAGAAAGGGNACGGGTGGAGNACCGGcGGGcTTTTCTGAAGCTG		
	SerGlyGluPheAlaLysGluArgXxxArgValGluXxxArgArgAlaPheLeuLysLeu		
	1030	1050	1070
40	AGGCGGNaANAACAGATTGAACGTGAGCTCAATGGGTACATGGAATGGATCTCAAAGCA		
	ArgArgXxxXxxGlnIleGluArgGluLeuAsnGlyTyrMetGluTrpIleSerLysAla		
45	1090	1110	1130
	GAAGAGGTGATCCTCGCCgAGGATGAAACTGACGGGGAGCAGAGGCATCCCTTTGATGGA		
	GluGluValIleLeuAlaGluAspGluThrAspGlyGluGlnArgHisProPheAspGly		
50	1150	1170	1190
	GCTCTGCGGAGAACCACCATAAAGAAAAGCAAGACAGATTTGCTCAACCCCGAAGAGGNT		
55	AlaLeuArgArgThrThrIleLysLysSerLysThrAspLeuLeuAsnProGluGluXxx		

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/15
Int. Code: pR5-6cort, entire clone
Länge: 1424 bp
Typ: DNA + Aminosäure

pR5-6cort, cont.

1210 1230 1250
GAGGATCAGCTGGCTGATATAGCCTCTGTGGGTCTCCCTTCGCCCCGAGCCAGCATTAAA
GluAspGlnLeuAlaAspIleAlaSerValGlySerProPheAlaArgAlaSerIleLys

1270 1290 1310
AGTGCCAAGCTGGAGAACTCGACCTTTTTTCACAAAAAGGAGAGGAGGATGCGTTTCTAC
SerAlaLysLeuGluAsnSerThrPhePheHisLysLysGluArgArgMetArgPheTyr

1330 1350 1370
ATCCGCCGCATGGTCAAACTCAGGCCTTCTACTGGACTGTACTCAGTTTGGTAGCTCTC
IleArgArgMetValLysThrGlnAlaPheTyrTrpThrValLeuSerLeuValAlaLeu

1390 1410
AACACGCTGTGTGTTGCTATTGTTCACTACAACCAGCCCGAG
AsnThrLeuCysValAlaIleValHisTyrAsnGlnProGlu

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/16
 Int. Code: pR5-4cort, entire clone
 Länge: 910 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10 30 50
 10 GGAGAACTCGACCTTTTTTACAAAAAGGAGAGGAGGATGCGTTTCTACATCCGCCGCATG
 GluAsnSerThrPhePheHisLysLysGluArgArgMetArgPheTyrIleArgArgMet
 15 70 90 110
 15 GTCAAAACTCAGGCCTTCTACTGGACTGTACTCAGTTTGGTAGCTCTCAACACGCTGTGT
 ValLysThrGlnAlaPheTyrTrpThrValLeuSerLeuValAlaLeuAsnThrLeuCys
 20 130 150 170
 20 GTTGCTATTGTTCACTACAACCAGCCCGAGTGGCTCTCCGACTTCCTTTACTATgCAGAA
 25 ValAlaIleValHisTyrAsnGlnProGluTrpLeuSerAspPheLeuTyrTyrAlaGlu
 30 190 210 230
 30 TTCATTTTCTTAGGACTCTTTATGTCCGAAATGTTTATAAAAAATGTACGGGCTTGGGACG
 PheIlePheLeuGlyLeuPheMetSerGluMetPheIleLysMetTyrGlyLeuGlyThr
 35 250 270 290
 35 CGGCCTTACTTCCACTCTTCCTTCAACTGCTTTGACTGTGGGGTTATCATTGGGAGCATC
 ArgProTyrPheHisSerSerPheAsnCysPheAspCysGlyValIleIleGlySerIle
 40 310 330 350
 40 TtCGAGGTCATCTGGGCTGTCATAAaACCTGGCACATCCTTtGGAATCAGCGTGTTACGA
 45 PheGluValIleTrpAlaValIleLysProGlyThrSerPheGlyIleSerValLeuArg
 50
 55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/16
 Int. Code: pR5-4cort, entire clone
 Länge: 910 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pR5-4cort, cont.

```

      370              390              410
10  GCCCTCAGGTTATTGCGTATTTTCAAAGTCACAAAGTACTGGGCATCTCTCAGAAACCTG
    AlaLeuArgLeuLeuArgIlePheLysValThrLysTyrTrpAlaSerLeuArgAsnLeu

      430              450              470
15  GTCGTCTCTCTCCTCAACTCCATGAAGTCCATCATCAGCCTGTTGTTTCTCCTTTTCCTG
    ValValSerLeuLeuAsnSerMetLysSerIleIleSerLeuLeuPheLeuLeuPheLeu

      490              510              530
20  TTCATTGTCTCTTCGCCCTTTTGGGAATGCAACTCTTCGGCGGCCAGTTTAATTTTCGAT
    PheIleValValPheAlaLeuLeuGlyMetGlnLeuPheGlyGlyGlnPheAsnPheAsp

      550              570              590
25  gAAGGGACTCCTCCCACCAACTTCGATACTTTTCCAGCAGCAATAATGACGGTGTTCAG
    GluGlyThrProProThrAsnPheAspThrPheProAlaAlaIleMetThrValPheGln

      610              630              650
30  ATCCTGACGGGCGAAGACTGgAACGAGGTCATGTACGACGGGATCAAGTCTCAGGGGGGC
    IleLeuThrGlyGluAspTrpAsnGluValMetTyrAspGlyIleLysSerGlnGlyGly

      670              690              710
35  GTGCAGGGCGGCATGGTGTCTCCATCTATTTTCATTGTACTGACGNTCTTTGGGAACTAC
    ValGlnGlyGlyMetValPheSerIleTyrPheIleValLeuThrXxxPheGlyAsnTyr

      730              750              770
40  ACCCTCCTGAATGTGTTCTTGGCCATcGCTGTGGACAATCTGGCCAACGCCAGGAGCTC
    ThrLeuLeuAsnValPheLeuAlaIleAlaValAspAsnLeuAlaAsnAlaGlnGluLeu
  
```

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/16
Int. Code: pR5-4cort, entire clone
Länge: 910 bp
Typ: DNA + Aminosäure

5

10

pR5-4cort, cont.

15

790

810

830

ACNAAGgACGAGCAAGAGGAAGAAGAAGCAGCGaACCAGAACTTGCCCTACAGaAAGCC

ThrLysAspGluGlnGluGluGluGluAlaAlaAsnGlnLysLeuAlaLeuGlnLysAla

20

850

870

890

AAGGAGGTGGcAGAAGTGAGTCCTCTGTCCGCGCCAACATGTCTATAGCTGTGAAAGAG

25

LysGluValAlaGluValSerProLeuSerAlaAlaAsnMetSerIleAlaValLysGlu

910

30

CAGAAGAAT

GlnLysAsn

35

40

45

50

55

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/17
 Int. Code: pRR14-35, 5' end
 Länge: 1100 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

10 30 50

GGGCGACACTGAGTGCCGGGAGTACTGGCCAGGACCCAACCTTTGGCATCACCACCTTTGAC
 GlyAspThrGluCysArgGluTyrTrpProGlyProAsnPheGlyIleThrAsnPheAsp

70 90 110

AATATCCTGTTTGCCATCTTGACGGTGTTCAGTGCATCACCATGGAGGGCTGGACTGAC
 AsnIleLeuPheAlaIleLeuThrValPheGlnCysIleThrMetGluGlyTrpThrAsp

130 150 170

ATCCTCTATAATAACGATGCGGCCGGCAACACCTGGAACCTGGCTCTACTTCATCCCT
 IleLeuTyrAsnThrAsnAspAlaAlaGlyAsnThrTrpAsnTrpLeuTyrPheIlePro

190 210 230

CTCATCATCATCGGCTCCTTCTTCATGCTCAACCTGGTGCTGGGCGTGCTCTCGGGGGAG
 LeuIleIleIleGlySerPhePheMetLeuAsnLeuValLeuGlyValLeuSerGlyGlu

250 270 290

TTTGCCAAGGAGCGAGAGAGGGTGGAGAACCGCCGCGCCTTCCTGAAGCTGCGCCGGCAG
 PheAlaLysGluArgGluArgValGluAsnArgArgAlaPheLeuLysLeuArgArgGln

310 330 350

CAGCAGATCGAGCGAGAGCTCAACGGGTACCTGGAGTGGATCTTCAAGGCGGAGGAAGTC
 GlnGlnIleGluArgGluLeuAsnGlyTyrLeuGluTrpIlePheLysAlaGluGluVal

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/17
 Int. Code: pRR14-35, 5' end
 Länge: 1100 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pRR14-35, cont.

370 390 410
 10 ATGCTGGCCGAGGAGGACAGGAATGCAGAGGAGAAGTCCCCTTTGGACGTGCTGAAGAGA
 MetLeuAlaGluGluAspArgAsnAlaGluGluLysSerProLeuAspValLeuLysArg

430 450 470
 15 GCGGCCACCAAGAAGAGCAGAAATGACCTGATCCACGCAGAGGAGGGAGAGGACCGGTTT
 20 AlaAlaThrLysLysSerArgAsnAspLeuIleHisAlaGluGluGlyGluAspArgPhe

490 510 530
 25 GCAGATCTCTGTGCTGTTGGATCCCCCTTCGCCCCGCCAGCCTcAAGAGCGGGAAGACA
 AlaAspLeuCysAlaValGlySerProPheAlaArgAlaSerLeuLysSerGlyLysThr

550 570 590
 30 GAGAGCTCGTCATACTTCCGGAGGAAGGAGAAGATGTTCCGGTTTTTTATCCGGCGCATG
 GluSerSerSerTyrPheArgArgLysGluLysMetPheArgPhePheIleArgArgMet

610 630 650
 35 GTGAAGGCTCAGAgCTTCTACTGGGTGGTGTGTGCGTGGTGGCCCTGAACACACTGTGT
 ValLysAlaGlnSerPheTyrTrpValValLeuCysValValAlaLeuAsnThrLeuCys

670 690 710
 40 GTGGCCATGGTGCATTACAACCAGCCGCGCGGCTTACCACGACCCTGTATTTTGCAGAG
 45 ValAlaMetValHisTyrAsnGlnProArgArgLeuThrThrThrLeuTyrPheAlaGlu

730 750 770
 50 TTTGTTTTCTCTGGGTCTCTTCTCACAGAGATGTCCCTGAAGATGTATgGCCTGGGGCCC
 PheValPheLeuGlyLeuPheLeuThrGluMetSerLeuLysMetTyrGlyLeuGlyPro

Sequenzprotokoll:

Sequenz Nr.: 27980/17
 Int. Code: pRR14-35, 5' end
 Länge: 1100 bp
 Typ: DNA + Aminosäure

pRR14-35, cont.

10 790 810 830
 AGAAGCTACTTCGGGTCCTCCTTCAACTGCTTCGACTTTGGGGTCATCGTGGGGAGCGTC
 ArgSerTyrPheArgSerSerPheAsnCysPheAspPheGlyValIleValGlySerVal
 15 850 870 890
 TTTGAAGTGGTCTGGGCGGCCATCAAGCCGGgAAGCTCCTTTGGGATCAGTGTGCTGCgG
 PheGluValValTrpAlaAlaIleLysProGlySerSerPheGlyIleSerValLeuArg
 20 910 930 950
 GCCCTCCGCTGCTGAGGATCTTCAAAGTCACGAAGTACTGGAGCTCCCTGCGGAACCTG
 AlaLeuArgLeuLeuArgIlePheLysValThrLysTyrTrpSerSerLeuArgAsnLeu
 25 970 990 1010
 GTGGTGTCCCTGCTGAACTCCATGAAGTCCATCATCAGCCTGCTCTTCTNCTCTTCCTG
 ValValSerLeuLeuAsnSerMetLysSerIleIleSerLeuLeuPheXxxLeuPheLeu
 30 1030 1050 1070
 TTCATTGTGGTCTTCNNNCTGCTGGGGATNCAGCTGTTTNNGGGACAGTTCAACTTCCAG
 PheIleValValPheXxxLeuLeuGlyXxxGlnLeuPheXxxGlyGlnPheAsnPheGln
 35 1090
 GATGAGACTCCCACAACCA
 40 AspGluThrProThrThr
 45

50 Patentansprüche

1. Klonierte humane neuronale Calcium-Kanäle.
2. Klonierte humane neuronale Calcium-Kanäle der Sequenzen Nr. 27980/1 bis 27980/17.
3. Verwendung der Calcium-Kanäle gemäß den Ansprüchen 1 und 2 in einem Test für Ca-Antagonisten.

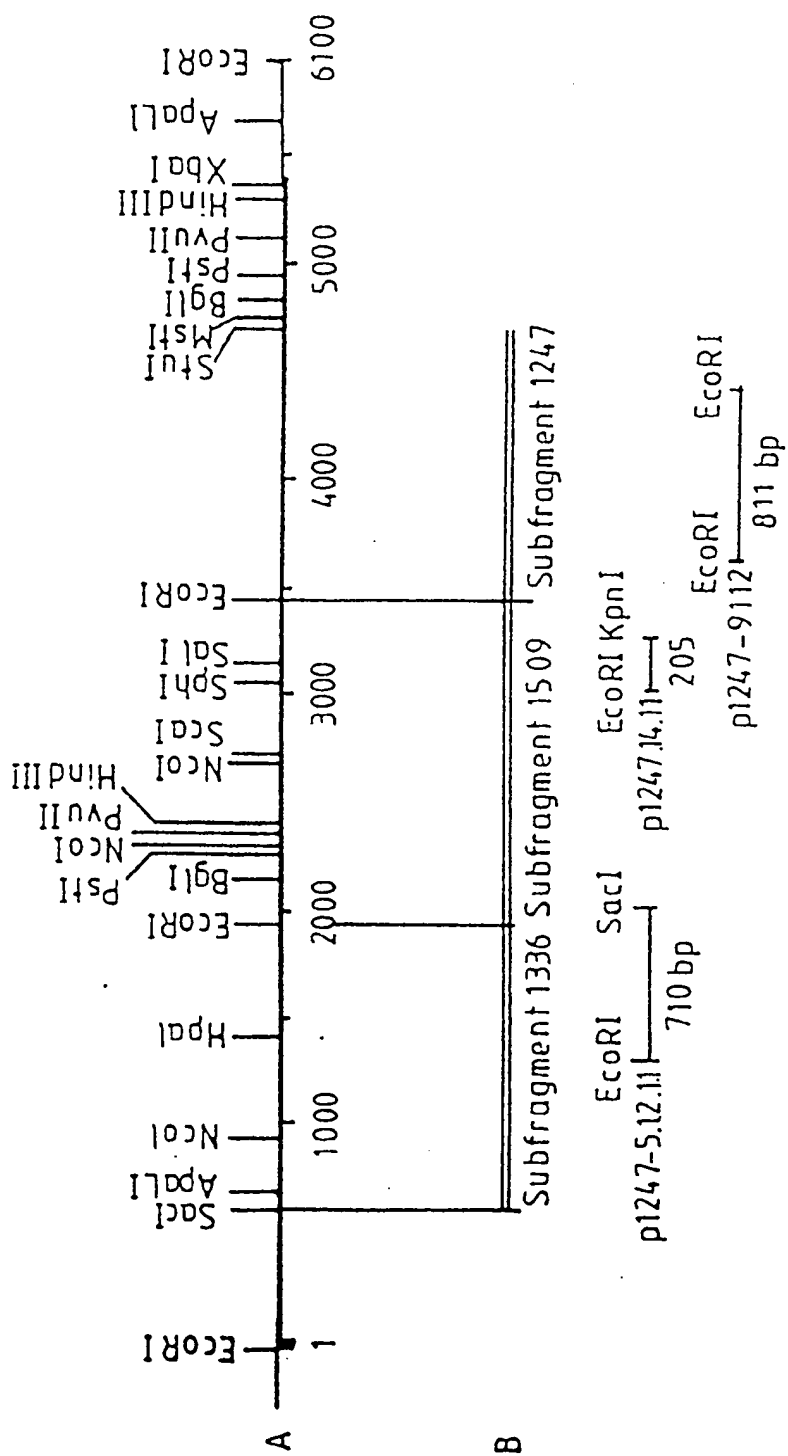
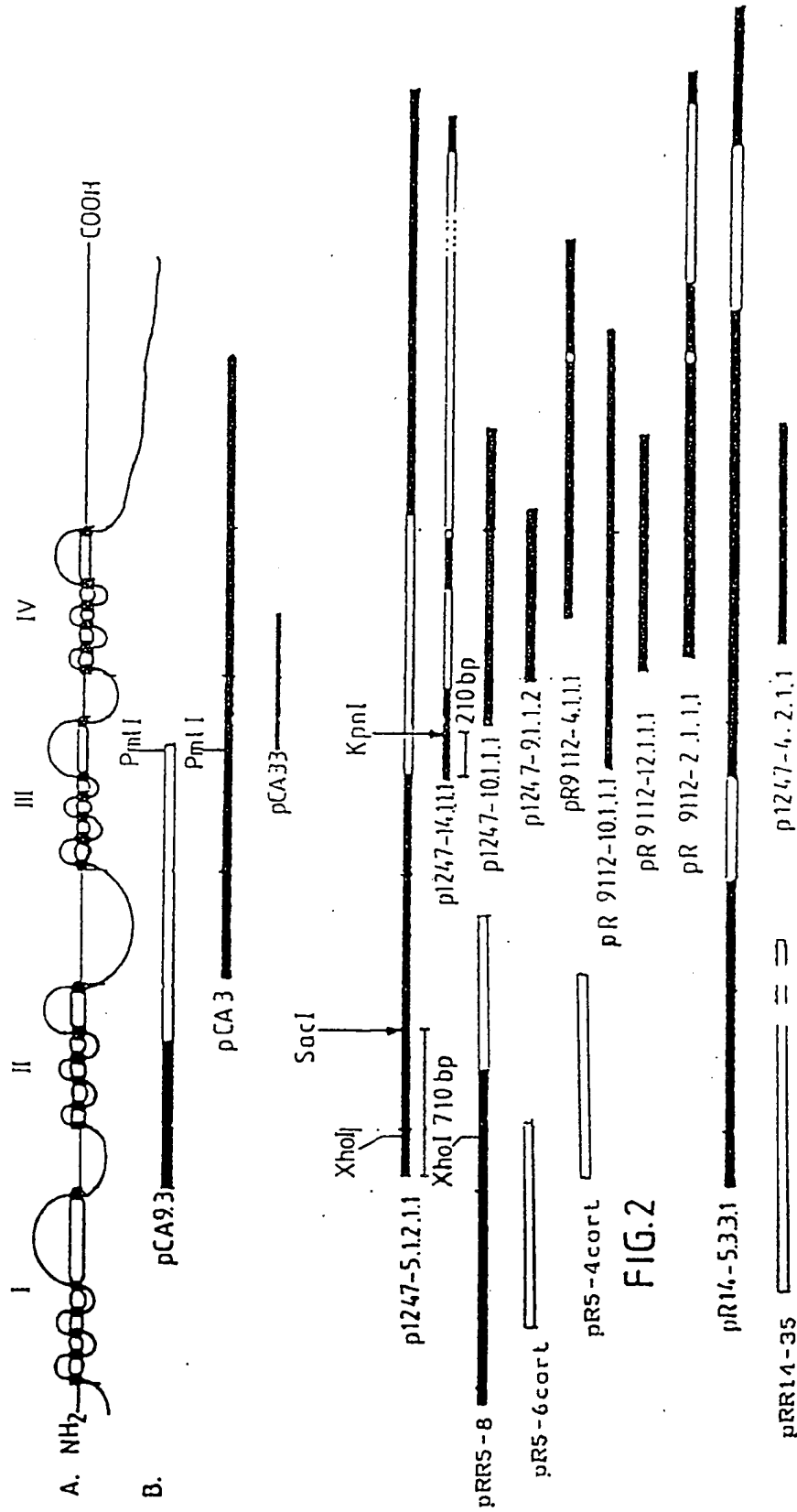
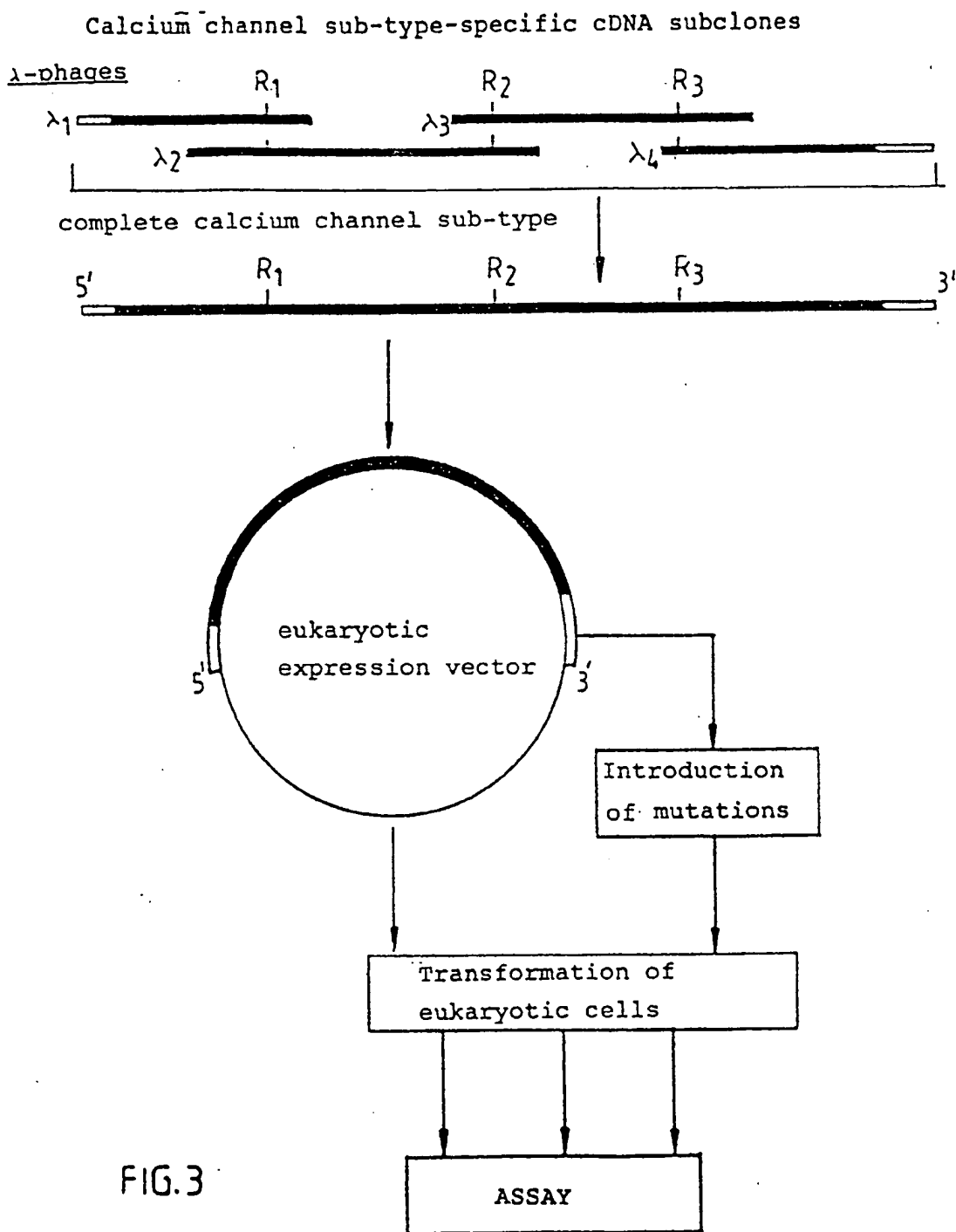


FIG.1





non-coding region
 coding region

R_1 , R_2 , R_3 : restriction enzyme cleavage sites